

Figure 1

1/74

50

	1	
HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG
HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----
HCG9	1c	-----G-----C-----
BNL1	1d	-----G-----C-----
BNL2	1d	-----G-----C-----
CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A-----
FR2	1f	-----G-----C-----C-----
HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----
HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----
S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----
BNL4	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----
HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----
NE48	3c	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----
NE274	3d	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----
NE145	3e	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----GT-----
NE125	3f	-----ATT-----G-C-CC-----A-A-----ACC-----
Z4	4a	-----G-----C-----
Z1	4b	-----A-----G-----C-----
GB358	4c	-----G-----C-----
DK13	4d	-----G-----C-----
GB809	4e	-----T-----G-----C-----
BNL7	4k	-----G-----C-----
BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----
HK2	6a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----
FR1	7a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----T-----
VN4	8a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----
VN13	8b	-----ACT-----G-----C-----A-----
VN12	9a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----A-----
NE98	10a	-----ACT-----A-----G-----C-----A-A-----N-----

Figure 1 -continued

2/74

	51		100
HCV-1	1a	TCGCCCCACAGGACGTCAAGTTCCTCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG	
HCV-J	1b	C-----T-----C--T-----	
HC-G9	1c	C-----T-----C-----C----	
BNL1	1d	C----T--K-GS--NNNNNNN-----	
BNL2	1d	C-----N-----T-----	
CAM1078	1e	C-----C--T--C-----	
FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----	
HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----	
HC-J8	2b	C-----T-----C-----	
S83	2c	C-----C--T--C-----C-----	
NE92	2d	C-----C--T--C-----C-----	
FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----	
BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----	
BNL5	2h	C-----T-----C--T--C-----C-----	
NZL1	3a	-----A-----	
HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----	
NE48	3c	-----C-----	
NE274	3d	-----T-----C-----C-----	
NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----	
NE125	3f	C-----C--T--G-----	
Z4	4a	C-----CAT-----A-----T--C-----C-----	
Z1	4b	-----CAT-----T--G--A-----C-----C-----C-----	
GB358	4c	C-----CAT-----T-----C--T--C-----C-----	
DK13	4d	C-----AT-----T-----C-----C-----	
GB809	4e	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----	
BNL7	4k	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----	
BE95	5a	-----C--T-----C-----	
HK2	6a	-----AC-----C-----	
FR1	7a	-----TAT-----C-----C-----	
VN4	8a	C-----C-----	
VN13	8b	-----	
VN12	9a	-----AT--T-----C-----	
NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----	

Figure 1 - continued

3/74

		101		150
HCV-1	1a	TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA		
HCV-J	1b	-----C-----C--G-----T--G		
HC-G9	1c	-----C-----G-----G		
BNL1	1d	-----C-----C--GNN-----T--G		
BNL2	1d	-----C-----C--G-----C--G		
CAM1078	1e	-C--G--C-A-----AG--C-G		
FR2	1f	-----C--G-----G		
HC-J6	2a	-A-----C--G-----A--G		
HC-J8	2b	-----C-----C--G-----A--G		
S83	2c	-A-----C-----G-----G		
NE92	2d	-A-----CC-G-----G		
FR4	2f	-----C--G-----C-A--G		
BNL3	2e	-----C-----G		
BNL5	2h	-A-----CC-G-----G		
NZL1	3a	-A--G-----AC-----C-T		
HCV-TR	3b	-A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T		
NE48	3c	-A--G-----CT-----T--AC-T		
NE274	3d	-C-----AC-----A-----AGTTC-T		
NE145	3e	-A-----AC-----A--TC-T		
NE125	3f	-A--G-A-----AC-----AGT-C-T		
Z4	4a	-----C--G-----TC--		
Z1	4b	-----C-----CC-G-----AG-TC-G		
GB358	4c	-----C--G-----T--G		
DK13	4d	-----G-----T--G		
GB809	4e	-----G-----TC-G		
BNL7	4k	-----C--G-----TC-G		
BE95	5a	-----GA-----TC-G		
HK2	6a	-----CC-G-----		
FR1	7a	-----C-T-----		
VN4	8a	-C-----C-----GC-C-----		
VN13	8b	-----C-T-----G		
VN12	9a	-C-----A-----AC-T-----G		
NE98	10a	-----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C		

Figure 1 - continued

4/74

		151		200
HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA		
HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----		
HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----		
BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----		
BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--		
CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----		
FR2	1f	-----C--A--G--A-----		
HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--		
HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--		
S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--		
NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----		
FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--		
BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--		
BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--		
NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----		
HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C-T-----		
NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G--G-----		
NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----		
NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----		
NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----		
Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----		
Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----		
GB358	4c	-----G-----T--G-----		
DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----		
GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----		
BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----		
BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----		
HK2	6a	-----A--C--G--CA-----C--G--C--A-----A--A--		
FR1	7a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--		
VN4	8a	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----		
VN13	8b	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--		
VN12	9a	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----		
NE98	10a	-----CA-----G--C--A--C-----G		

Figure 1 - continued

5/74

		201	250
HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGC	
HCV-J	1b	-----C-----T-----	
HC-G9	1c	---C---C---A-----A---T-----G-----	
BNL1	1d	-----Y---Y-----T-----T-----	
BNL2	1d	-----C-A-T---T---NN-----A---C-T---C---	
CAM1078	1e	--AG--C--A-----T	
FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A-----	
HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A-----C---	
HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----	
S83	2c	A-A---G--CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----	
NE92	2d	A-A---G--C---ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----	
FR4	2f	A-A---G--CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----	
BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT-----T-----GA-GT--A--A--T---C---	
BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----	
NZL1	3a	---G-----AG---A---C---T-----	
HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C---T-----	
NE48	3c	---G-----TGG-----AC---T-----G-----	
NE274	3d	---A-----AG-----C---T-----T-----	
NE145	3e	---A--C-C-AG--GA--AC---T-----G-----T-----C---	
NE125	3f	---A--C--AAG-----C---T-----C-----T-----	
Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----	
Z1	4b	---G--C---T-----T-----	
GB358	4c	---A-----AT-T---A---T-----A---	
DK13	4d	---G--C-AA-T-----T-----T-----T-----T-----	
GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----	
BNL7	4k	---G-----AT-----A---T-----A-----A--A--T--A---	
BE95	5a	---G--C-A---AC---C---T-----G---A-----	
HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----	
FR1	7a	--TA--C-A---GACA---C-T-G---G---A-----C-----	
VN4	8a	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C---	
VN13	8b	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C---	
VN12	9a	--TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C---	
NE98	10a	---G--C--AA-----T-----	

6/74

Figure 1- continued

		251		300
HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC		
HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A---		
HC-G9	1c	-----C-----T-----C---		
BNL1	1d	-----N-----C---		
BNL2	1d	-----A-----C---		
FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T		
HC-J6	2a	---A--C--G-----ACT--C---A-----C---		
HC-J8	2b	---G--C--A--C-----T---C-----T-----C---		
S83	2c	---G-----G-----CT--C---A--G-----C---		
NE92	2d	---G--C--G-----CT--C---A--G-----C---		
FR4	2f	---G--C--G--C-----CT--C---A--G-----C---		
BNL3	2e	---G-----G--C-----GCT--C---A-----C---		
BNL5	2h	---G-----G--C-----CTT--T---A-----T---C--T		
NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A		
HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T---T---A-----T---C---		
NE48	3c	-----C--T-----C---		
NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T---C---		
NE145	3e	-----T--C-----A--G-----T-----T		
NE125	3f	-----G-----T-----A-----		
Z4	4a	-----A--G-----T		
Z1	4b	---T--C-----T-----A--G-----C---		
GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T		
DK13	4d	---T--C-----A---		
GB809	4e	---T--C-----T-----A--G-----C--T		
BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T---C---		
BE95	5a	---T--C--C-----CT-----A--G-----G--C--C--T		
HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---		
FR1	7a	---T-----C-----A-----C---		
VN4	8a	-T--T-----A-----T--T---A--C-----C---		
VN13	8b	-T--T-----G-----T--T--C---A--G-----C---		
VN12	9a	---T-----G--C-----C-----G-----T---C---		
NE98	10a	---A-----G-----A--G-----C--G		

7/74

Figure 1 - continued

	301	350
HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG
HCV-J	1b	-----T-----
HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--
BNL1	1d	--C-----
BNL2	1d	--C-----
FR2	1f	--C-----C-T-----AT-----A-----A--A--
HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--
HC-J8	2b	--C--G-----T--CT-----C-----A--A--A--
S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----
NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--
FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A-AC-----AC-----A--
BNL3	2e	--A-----
BNL5	2h	--A-----
NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A-AT-----G-----C--
HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A-AT-----A--C--
NE48	3c	--C--T-----G-----A-AT-----A--A--C--
NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--
NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--
NE125	3f	-----C--C-----T-----A-AT-----A--A--
Z4	4a	--C-----ATCT-----A-AT--T-----G--A-----
Z1	4b	--C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--
GB358	4c	-----A--GTCT-----A-AT--T-----A-----C--
DK13	4d	-----GTCT-----G-AT--T-----G-----C--
GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T-AT--T-----G-----C--
BNL7	4k	--C--T----
BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A-AA-----
HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C-A--C--
FR1	7a	--C--G-----T--AT-----AC-----A-----C--
VN4	8a	--C-----C--A-AT-----A-AC-----G-----C--
VN13	8b	--NC-----C--AT-----T-AT-----N-G-----C--
VN12	9a	-----C--GGA-----N--AT-----N-G-----C--
NE98	10a	--C-----

8/74

Figure 1 - continued

		351		400
HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA		
HCV-J	1b	T-----A-----		
HC-G9	1c	-----C-----T-----		
FR2	1f	-----A-----T-----T-----		
HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----		
HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T--T--T-----		
S83	2c	---C-----A-----T--T-----		
NE92	2d	---C-----T-----T-----		
FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----		
BNL3	2e	-----N-NT-----		
NZL1	3a	-----A-----A-----A-----		
HCV-TR	3b	---C--T-----A-----T--A-----		
NE48	3c	-----A-----A-----G-----		
NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----		
NE145	3e	-----C--T--C--A-----G-----T-----		
NE125	3f	---C-----C-----T--A-----T-----		
Z4	4a	---C-----G-----		
Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----		
GB358	4c	---C-----A--C-----T-----		
DK13	4d	---C-----A--T-----		
GB809	4e	---CC-----A--A-----		
BE95	5a	T-----A-----A-----T-----		
HK2	6a	G-----A-----T--G-----T-----		
FR1	7a	---C-----A-N---NC-A-----		
VN4	8a	---C-----A-----C-----T-----		
VN13	8b	---CC-----T--N--S-----		
VN12	9a	---CC-----C-----C--T-----		

9/74

Figure 1 - continued

		401		450
HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTCGGCGCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC		
HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----		
HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T		
FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--		
HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T		
HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T		
S83	2c	-----CG---T-----T--CG---C---T-----A---		
NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T--TC-----A--T		
FR4	2f	-----TG-----G--G--C---T-----A---		
BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G-TN-----		
NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---		
HCV-TR	3b	-----T-----G-G--G---TC--A--A---		
NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T--A-----		
NE274	3d	-----T-----T---G-A--G---TC--A--A--T		
NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----		
NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----		
Z4	4a	---A---C--A---G-----CG-G--G---TC-----T		
Z1	4b	---A---T-----A-----G-G--T---TC-----		
GB358	4c	---A---C-----A-----CG-G--T---TC-----		
DK13	4d	---A---C--G---A-----CG-G--T---TC-----A---		
GB809	4e	---A---C-----T--A-----CG-G--T---TC-----A---		
BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T		
HK2	6a	-----T--CG---G---G---T-G--C---TC--GGCT--G		
FR1	7a	-----C--TG--C-A--A-GG--G-----C---T---GGCT---		
VN4	8a	-----T--C--TG---A-----T--GW-G-----TC--GGN----		
VN13	8b	-A-A-----T--		
VN12	9a	---A---C--TG---T-----C-----T---GGC--AA		

10/74

Figure 1 - continued

		451	500
HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACATATGCAACAGG	
HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----	
HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----	
BNL1	1d	-----	
BNL2	1d	-----	
FR2	1f	---N-A-----T-----C---N--G-----TNNNNNNNNNNNNN	
HC-J6	2a	--C-----GA-A-C---G---G--T--T-T-----	
HC-J8	2b	-----A-C-T--TA---C---G---GA-A-T--C-----	
S83	2c	--C--C---G-GA-----G---GA-A-T-----G--	
NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----	
BNL3	2e	--C---N-----G---C---G---GA-A-T---N-----	
FR4	2f	--C-----G---C---G---GA-A-T-----	
BNL4	2g	-----G--A--T-----	
BNL5	2h	-----GA-A---C-----	
BNL6	2i	-----GA-A-----	
NZL1	3a	--C-----GA---CC--T-----GA-A--T-TC-----	
HCV-TR	3b	--C--T-----T-GA---CA--T-GG---A-----	
NE48	3c	--C-----GA---C--T-G---GA-T---TC-----	
NE274	3d	--C--A-----T-GA-A-CC--T-G---AA-A--T-TC-----	
NE145	3e	--C--A--C--G-AA---C--C-G---AA-A--T-T-----	
NE125	3f	--A--A-----T-GA---C--T-G---AA-A--T-----	
Z4	4a	-----A---C-G---G---GA-T-----	
Z1	4b	-----A---CCG---G---AA-T---C-----	
GB358	4c	-----A--C--T--TA---C-G---G---GA-C--T---G-----	
DK13	4d	-----A---C-----G---G--C--T-----	
GB809	4e	-----A--C--T--TA---C-G-----GA-C---C-----	
BNL7	4k	-----GA-C--T-T-----	
BNL8	4k	-----GA-C--T-----	
BNL9	4k	-----GA-T--T-----	
BNL10	4k	-----GA-C--T-----	
BNL11	4k	-----GA-T--T-----	
BNL12	4l	-----GA-C--T-----	
BE95	5a	--C--A--C--T--GA---C--T--G---G--A-----	
HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G---GA-C--T-----	
FR1	7a	-----TA---CAA-C--G---G--C--T--C-----	
VN4	8a	T-----G---AN--NCA-C--G---N--A--T--C-----N	
VN12	9a	----NA-----T---A---CCA-C--G---GA-A-----	
NE98	10a	-----AA-T--T-TC-----	

11/74

Figure 1 -continued

		501		550
HCV-1	1a	GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT		
HCV-J	1b	---T--G--C-----CT-A--TT---G---		
HC-G9	1c	-----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C--		
BNL1	1d	---T-G--C-----CT---TT---G--C--		
BNL2	1d	---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C--		
FR2	1f	N-----N-----NN-----CT---NT-A-----		
HC-J6	2a	---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C--		
HC-J8	2b	---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A--		
S83	2c	---TT-G--C-----T--CT-----CT-G---		
NE92	2d	---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A---		
BNL3	2e	-----C-----C--T-----TNGT---T--T--G---		
FR4	2f	---T-G--C-----C--T-----T-G---T--CT-G---		
BNL4	2g	---T-G-----T-GT---T--T--G---		
BNL5	2h	---T-G--C-----C--T-----T-G---T---A--C--		
BNL6	2i	-----G-----C--T-----T-A-----T---		
NZL1	3a	---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----		
HCV-TR	3b	---T-----C--T-----T---C--C--T--CT---C--		
NE48	3c	---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A--		
NE274	3d	---TT-A--C-----T-G--T--TT-----		
NE145	3e	-----C-----T-----T-G--T--T-----G--A--		
NE125	3f	---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A--		
Z4	4a	---T-----C-----T---A--T--T--G--		
Z1	4b	-----T---T--A--T---G--		
GB358	4c	---T-----C-----T-CT---A--T--T--G--		
DK13	4d	---T-----C-----CT---A-----G--		
GB809	4e	---T--C--C-----C--T-----CT---A--T---G--		
BNL7	4k	-----C--C-----C--T-----CT---A--C---G--		
BNL8	4k	-----C-----T-----CT---A--C---G--		
BNL9	4k	---T-----C-----C--T-----CT---A--T---G--		
BNL10	4k	---TA-----C-----Y--T-----Y---A--T---G--		
BNL11	4k	---Y--C--C-----T-----CT---A--T---G--		
BNL12	4l	-----C--C-----A-C-----A--T---G--		
BE95	5a	---TT-A--C-----TA---T--T--T---G--		
HK2	6a	---T--C--C-----T---A--A---G--		
FR1	7a	---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G--		
VN4	8a	---T-----C--NN-----N-----N--CT---A--T---G--		
VN12	9a	---T-----WCT---A--T---G--		
NE98	10a	---TT-A-----TT--T---A--		

12/74

Figure 1 - continued

551 600

HCV-1	1a	GCTTGACTGTGCCCGCTTCGGCCTACCAAGTGCGCAACTCCACGGGGCTT
HCV-J	1b	-T-----CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
HC-G9	1c	--C----A-C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
BNL1	1d	-----G--T--AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
BNL2	1d	-----G--T--AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
FR2	1f	--C-C--A--C--A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
HC-J6	2a	--A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
HC-J8	2b	--G-C--A-----A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTCTAGC
S83	2c	--A-CT-----A-T---C---GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
NE92	2d	-TA-C-----G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A--GCA-CTC-
BNL3	2e	-TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA--GTCA-GCC
FR4	2f	-TA-C--C-----TG--T---ATA--G--TAAG---AA--GCCACT-C
BNL4	2g	-TG-C--C-----T-TC--T---GTG--G--TAAG---A--GTACCA-G
BNL5	2h	-TC-C-----G--G--C--TGTG--G--CAAG---A--GCCACTC-
BNL6	2i	--A-C--C-----G-TC--T---GTG-----TGCG---CG--GT--TTC-
NZL1	3a	----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
HCV-TR	3b	-----TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
NE48	3c	-----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
NE274	3d	-----GTCTGT--T--G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
NE145	3e	-----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
NE125	3f	-----GT-TCC-----AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
Z4	4a	--C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT-----CA-C
Z1	4b	--C----AACAA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT-----CG-C
GB358	4c	--C-----T---A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T-----CA-C
DK13	4d	--C-----T-----A-CTAT-----AG-T-----TG-C
GB809	4e	--C-C-----T-----G---G-GTTA-CTAT-----TG-TT-----CG--
BNL7	4k	--C-----C-----AT-A-CTAT-----TGT-T-----CA--
BNL8	4k	--C-----T-----ATTA-CTAC-----A--T-----CA-C
BNL9	4k	--C-----C-----ATTA-CTAC-A---A--T-----CA-C
BNL10	4k	-TC-----C-----ACTA-CTAT-----GT-T-----CA-C
BNL11	4k	--C-----C-----AC-A-CTAC-----TGT-T-----CA--
BNL12	4l	--C-----C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T-----CA--
BE95	5a	-TC----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
HK2	6a	--C-C--AAC---A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
FR1	7a	--C-C--ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
VN4	8a	--C-T--AACAA--A--C--C--GGCG--TTATAC----AAGT-T--C--G
VN12	9a	--C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
NE98	10a	-----CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

0985138.05001

Figure 1 - continued

601650

HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC
HCV-J	1b	-----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--
HC-G9	1c	-----T-----C--TG--TCCG-----A---A
BNL1	1d	--T--T-----C--C--TT-C-----C--CA-C--T---AT--A
BNL2	1d	--T--TC-----C--TT-C-----C--CA-C--T---AT-AG
FR2	1f	-----T-----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA
HC-J6	2a	---ATG--G-----C--C---A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA
HC-J8	2b	---T---C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-
S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A
NE92	2d	---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL3	2e	--TATG-CA-----C--C---T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N
FR4	2f	---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL4	2g	---ATG-CA-----C--TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA
BNL5	2h	--TATG--G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA
BNL6	2i	---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A
NZL1	3a	---GT-C-T-----C--C---TT-C--TAGC-----T-----C-A
HCV-TR	3b	--TGTGC-T-----C--C---T---TGG--C-----C-A
NE48	3c	---ATAC-----C--TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A
NE274	3d	---GTGC-----C--C---T---GGC-----C-----T-----CC-
NE145	3e	---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A
NE125	3f	---ATAC-T-----C--C---T---AGC--C--C-----T-----T-A
Z4	4a	--T---A-----T--G--T--C-----A--C--T--A--T-A
Z1	4b	--T--T-----A-C--C--A-----A---A
GB358	4c	--T---A-----C---G-----C--A-----A-C-A
DK13	4d	-----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A
GB809	4e	--T---A-----C--C---G--TG---C--A-----A-C-A
BNL7	4k	---T-T-----G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL8	4k	-----C---G-----C--A--T--T-----C-A
BNL9	4k	--T--TA-----C--C---G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL10	4k	-----T-----C---G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL11	4k	-----T-----C---G--T--A--C--A---TT-----C-A
BNL12	4l	-----C--C---G---C--C--A-----T--T-C-A
BE95	5a	--T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A
HK2	6a	-----TC---A-----C-----C--C--C---CTG-----A
FR1	7a	-----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T--TT-----A
VN4	8a	-----TC-----C--C-----C---AGC--C--C--T--T-----A
VN12	9a	--T--TC-A-----C-----C--TAGC--C-----T-----AA
NE98	10a	---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G

Figure 1 - continued

14/74

	651		700
HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTCGTGAGGGCA	
HCV-J	1b	G--CATG---A-----C-C-----G-C-----C-G---A-T-	
HC-G9	1c	GA-CCTG---A---TCTG--C-----T--G--C-A---A-C-----	
BNL1	1d	--G-ATG---A---TAC--A-----G-C-----G---AT-	
BNL2	1d	T-G-ATG---T---G-C-A-----T--G-C-----G---AA--	
FR2	1f	G--CAT-----T---G--T---N--G--C---A-A--G--A----	
HC-J6	2a	G-C---TG----C---GTC--C-----G-----AGAAA-T---G-	
HC-J8	2b	T--C--AG-T--C--TCT---T--A-----A--T-AGAA---TAATG	
S83	2c	A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--	
NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----	
BNL3	2e	G--C--GG-G--T--TGT---T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G	
FR4	2f	G--C--GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-	
BNL4	2g	G-GC--GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC-----	
BNL5	2h	G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA--	
BNL6	2i	G--G---G----T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--	
NZL1	3a	T----T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----	
HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAAACC----	
NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-	
NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA----	
NE145	3e	A---TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C-----	
NE125	3f	TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-	
Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-	
Z1	4b	GC-CCA---A---TTG--A-----T---C--T--G--GAC--AG-	
GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-	
DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-	
GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-	
BNL7	4k	-C--CA---T---CTC--A--T---G--C-----GA-A-----G-	
BNL8	4k	-C-CCA---T---CT--A--T---G--C-----GA-AACT--G-	
BNL9	4k	-C--CA---T---TCTC--A--T---G--C-----GA-A-T---G-	
BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T---G--C-----GA-A-T---G-	
BNL11	4k	-C--CA---T---CT--A--A---G--C-----GAAA-----A-	
BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-	
BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A--T--T---G-----T--CATGACA--T-	
HK2	6a	T-C-ATG---T---TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG	
FR1	7a	GACCATG--A-----TCT---A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-	
VN4	8a	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--	
VN12	9a	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC----	
NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT----	

15 / 74

Figure 1 continued

		701	750
HCV-1	1a	ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT	
HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A--C-C--T--C---C-C--GG-----A-C	
HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----	
BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y	
BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C	
FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC	
HC-J6	2a	-TA-A--TC----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G	
HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C	
S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A	
NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A	
BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC---CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A	
FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA---G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA	
BNL4	2g	--TAAG--CC----C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG--ACC-G	
BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A	
BNL6	2i	--A----CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A	
NZL1	3a	-TA-A--T-C---C---ACCC-AG---A-----A-----AGT----T-C	
HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC	
NE48	3c	--A--A--C---C---A-AC--G---T--G--A-----GGT---TC-C	
NE274	3d	--T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C	
NE145	3e	--A-A--GA---C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C	
NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--	
Z4	4a	--A-A---C-T--C---AC-C--G---G-----A-----TGT-GCAC-C	
Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--	
GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C---C-----GG-GCCTT-C	
DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--	
GB809	4e	--CAG---C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C	
BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C	
BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL12	4l	--A-T--C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA	
BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC	
HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--	
FR1	7a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT-----C--CT-A---GT-CCCA-C	
VN4	8a	-TCAA--CC----C-----CA-GCCT----G--CC----AGTGCC-A-C	
VN12	9a	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--	
NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG	

1 6 / 7 4

Figure 1 - continued

		751	800
HCV-1	1a	GGCAAAC TCCCCGCGACG CAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCGG	
HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T---C---T---	
HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G-----GTG-----CTC-A-----	
BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G-----CT-----T---	
BNL2	1d	-CT--TG-----TA-TG--GCAA-C-----C---TG-----CT-----G---T---	
FR2	1f	-CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G-----C---C---C---G---	
HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G-----GAT	
HC-J8	2b	C---GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G---ACA---G-----CA--A-C---AAT	
S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C---GAT	
NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C	
BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C---GAT	
FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C---GAT	
BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C---GAT	
BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C---T-C	
BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C	
NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA-----TG-G--C--AT-A--A--	
HCV-TR	3b	CTTGCGG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A---G---A---	
NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G---G-G-----G---G---	
NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA-----TG-G-----G---G---	
NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCG-A--CG-A---G-G---T---A-----	
NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G---	
Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G---	
GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA-----TG-G-----A-G--A---	
DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G---	
GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A---	
BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA-----TG-G--CT--A-G--G---	
BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA-----TG-G-----A-G--G---	
BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCTT-G--GA-----TG-G-----A-G--G---	
BNL10	4k	AC-GCGCG--GCTTGA-TCC--G--GA-----TG-G-----A-G--G---	
BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA-----TG-G---G--A-G--G---	
BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G---	
BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T---CG--	
FR1	7a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T-----C--A---G-A--C--C--C---T---	
VN4	8a	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G---	
VN12	9a	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G---	
NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G---A--A-G--G---	

17/74

Figure 1 - continued

		801		850
HCV-1	1a	GAGCGCCACCCCTCTGTTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG		
HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----T--C-----A--C-		
HC-G9	1c	-GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA		
BNL1	1d	-G-NN-----GT-----C--TA-G-----R-----T-----		
BNL2	1d	--CA---G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-		
FR2	1f	-GCA---GTGT---C--A--A-G--A-T-----T--T---GGC-		
HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-		
HC-J8	2b	-GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-		
S83	2c	-TCT--T--GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC		
NE92	2d	ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A-A-----G--T--CG-G-		
BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-		
FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG--		
BNL4	2g	-GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-		
BNL5	2h	-TCT--T--G---C--A--TT-G--T-----C---T-C-----CG-A-		
BNL6	2i	-TC-----GT---C--T---T-G--T-----		
NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T--G---		
HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T---G---		
NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-		
NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-		
NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-		
NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---		
Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--		
Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-		
GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T--A-C--A-----G-----TGGC-		
DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T---GG--		
GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT		
BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T--A-C-----TT-R--T--YGGCT		
BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T--A-C-----TT-G--T--CGGCT		
BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T--A-C-----TT-G--T--CGG--		
BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----YT-G--T--CGGCT		
BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----T--G-----TGGCT		
BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--		
BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T---G-AC		
HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G---A-C-----G--T--C---C		
FR1	7a	-GCA--GG-AT-T-----A-G--A-C--A-----C--T--TAGCA		
VN4	8a	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC		
VN12	9a	TGCT--TG-GT---C--T---A-G-----C---T-----TGGGC		
NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC		

18/74

Figure 1 - continued

		851	900
HCV-1	1a	TCTTTCTTGTCGGCCAACTGTTACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG	
HCV-J	1b	-T-----C---TC---G-----A--TC-C--GT-TGA----	
HC-G9	1c	----C-----T-----GA-C-----A---T-----	
BNL1	1d	----C--C-CT-----G--A-----T--A---C-CATG---CAT--A	
BNL2	1d	----C-----G--A-----T--A---C-CTTGT--CAT--A	
FR2	1f	----C--C--T--G---T-----A-GT--C----G--T-----	
HC-J6	2a	-GA-G----CA-C---GA-----TTG----G--ACA--A-----TTT	
HC-J8	2b	-GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC	
S83	2c	-GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT	
NE92	2d	-GA-GT-G-CTTCT---G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT	
BNL3	2e	-GA-GA-A-CT-CA--GGCT---T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC	
FR4	2f	-GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A--GCAATA---TACTTTT	
BNL4	2g	-GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG---G--GCAA-AT---AACTTT	
BNL5	2h	-GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C--TCA--A---ATCTTC	
NZL1	3a	-----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---	
HCV-TR	3b	-G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C	
NE48	3c	-T--C--C--A--A---GCA-----A---AGA--C-A-----CA---A	
NE274	3d	----CT-G--G--A--GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---	
NE145	3e	----C-----G--G--GGCC---T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T	
NE125	3f	-T--C-----G-----GC-----T---AGAG-TC---AA--T-AT--C	
Z4	4a	C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C	
Z1	4b	----C--A--G-----G-----GA---CGA--GC-C--G-----C	
GB358	4c	-A---T-G--T--T--GA-----T-T---CAG--GC-----T	
DK13	4d	-G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C	
GB809	4e	-A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----	
BNL7	4k	-G--C--A-----T--GA-----T-T---CGA--A-----T	
BNL8	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----TT-T---CGA--AC-A-----T	
BNL9	4k	CG--CT-G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----C	
BNL10	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----T-T---YCAG--TC-----T	
BNL11	4k	-G--C--G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----T	
BNL12	4l	C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T	
BE95	5a	-A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---	
HK2	6a	-----T-G-CG--A-----A-----TCAG---C-C--T--T-----T	
FR1	7a	-AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT	
VN4	8a	-T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT	
VN12	9a	-----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC	
NE98	10a	-A-----Y--G--GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T	

19/74

Figure 1 - continued

	901	950
HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG
HCV-J	1b	GTA---A-----A-----CG--T-A-----
HC-G9	1c	-----AC-----C---C--A-----G-G--A-----T--
BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---
BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---
FR2	1f	GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----
HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----
HC-J8	2b	--C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--T--
S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G---GC--T-----A-----
NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--
BNL3	2e	GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--
FR4	2f	GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A-----C--A--A--T--
BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---
BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A
NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C-TT-A--A--T--
HCV-TR	3b	GT---GACG-----C-----G--A--C--A-----G-TT-A--A--T--
NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T---G-TT-A-----T--
NE274	3d	GT---GACC-----AC-G--C--T--T--C---T-A--A--A--
NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--
NE125	3f	GTC--GTTG-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T--A
Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C---A-
Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT---C---A-
GB358	4c	-----G-AC-----T--C-----CG-G--G--CG-T-----C---A-
DK13	4d	--C-----AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A---A-
GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--
BNL7	4k	--T-----A-----T--C---
BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----
BNL9	4k	--C-----A-----C-----C---
BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---
BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---
BNL12	4l	GTC---AC-----C--T--C---
BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G-T--C--C-----
HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C---A-
FR1	7a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A-
VN4	8a	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----
VN12	9a	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----
NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---

20/74

Figure 1 -continued

		951	957
HCV-1	1a	CATGGCA	
HCV-J	1b	-----T	
HC-G9	1c	A-----T	
FR2	1f	NNNNNNN	
HC-J6	2a	-----G	
HC-J8	2b	-----	
S83	2c	-----T	
NE92	2d	G-----G	
BNL3	2e	-----G	
FR4	2f	A-----NN	
NZL1	3a	A-----T	
HCV-TR	3b	T-----G	
NE48	3c	G-----T	
NE274	3d	G-----T	
NE145	3e	-----	
NE125	3f	T-----T	
Z4	4a	G-----G	
Z1	4b	G-----C	
GB358	4c	G-----	
DK13	4d	A-----T	
GB809	4e	G-----T	
BE95	5a	G-----	
HK2	6a	G-----T	
FR1	7a	G-----	
VN4	8a	A-----	
VN12	9a	G-----G	

2 1 / 7 4

Figure 2

		1		50
HCV1	1a	MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR		
HCV-J	1b	-----R-T-----		
BNL1	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----		
BNL2	1d	-----R-T-----X-----		
CAM1078	1e	-----R-T-----V-----A-----		
FR2	1f	-----R-T-----		
HCJ6	2a	-----R-T-----		
HCJ8	2b	-----R-T-----		
CH610	2c	-----R-T-----		
NE92	2d	-----R-T-----		
BNL3	2e	-----R-T-----		
FR4	2f	-----R-T-----P-----		
HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-----		
DK13	4d	-----R-T-----M-----		
CAM600	4e	-----R-T-----M-----		
GB809	4e	-----L-R-T-----M-----		
BNL7	4k	-----R-T-----M-----		
BE95	5a	-----R-T-----M-----		
HK2	6a	---L---R-T-----T-----		
FR1	7a	---L---R-T-----M-----		
VN4	8a	---L---R-T-----I-----		
VN13	8b	---L---R-T-----		
VN12	9a	---L---R-T-----M-----		
NE98	10a	---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-----		

2 2 / 7 4

Figure 2 - continued

		51		100
HCV1	1a	KTSEERSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP		
HCV-J	1b	-----M-----		
BNL1	1d	-----X-X--S-----X----		
BNL2	1d	-----D-----QSD-XX----H-----		
CAM1078	1e	-----E-----		
FR2	1f	-----S-----A-----		
HCV6	2a	-----D--ST-KS-GK-----L-----		
HCV8	2b	-----D--ST-KS-GK-----		
CH610	2c	-----D--TT-KS-GR-----L-----		
NE92	2d	-----D--T-KS-GK-----L-----		
BNL3	2e	-----D-XAT--S-GR-----L-----		
FR4	2f	-----D--AT-KS-GR-----L-----		
HCVTR	3b	-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----		
DK13	4d	-----QL--S-----		
CAM600	4e	-----T--S-----		
GB809	4e	-----S--S-----		
BNL7	4k	-----S--S-----X-----		
BE95	5a	-----Q-T--S-G-----A--L-----		
HK2	6a	-----Q-Q--H-----		
FR1	7a	-----V-Q-T--S-G-----		
VN4	8a	-----V-HQT-----		
VN13	8b	-----V-HQT-----		
VN12	9a	-----A-----V-QNQ-----		
NE98	10a	-----S-----R--T--S-----		

23/74

Figure 2 - continued

		101		150
HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGGAARA		
HCV-J	1b	-----		
BNL1	1d	-----N---		
BNL2	1d	-----		
FR2	1f	-----N-----S-T		
HC-J6	2a	-----N--H--V-----V-----V---		
HC-J8	2b	-----T-----H-----R-----I-----V-----V-----V---		
CH610	2c	-----H-----V-----V-----V---		
NE92	2d	-----H-----V-----V-----V---		
BNL3	2e	-----XX-----X-V-----V-----X---		
FR4	2f	-----N--H-----X-----V-----V-----V---		
HCV-TR	3b	-----N-----F-----V-----V---		
GB116	4c	-----V-----V---		
DK13	4d	-----N-----V-----V-----V---		
CAM600	4e	-X--X--N--X-----V-----V---		
GB809	4e	-----N-----V-----V---		
G22	4f	-----V-----V---		
GB549	4g	-----V-----V---		
GB438	4h	-----V-----V---		
BNL7	4k	-----N-----		
BE95	5a	-----N--N--K-----G-I--V---		
HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-		
FR1	7a	-----N--N-----XXL-----VL-G--V-A-		
VN4	8a	-----N--N-----V-----X--V-X-		
VN13	8b	X-----N--N--X-----XX-----IE--		
VN12	9a	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE		
NE98	10a	-----N-----		

24/74

Figure 2 - continued

		151	200
HCV1	1a	LAHGVVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	
HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I	
BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V	
BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V	
FR2	1f	-X-----XG--XXXXX--X--XX---X-----T---E-HST-DG	
HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG	
HC-J8	2b	-----I-----V---V--VE---ISSS	
CH610	2c	-----I-----S-----IS--V--VE-K-TSTS	
NE92	2d	-----I-----I---V-GL--K-TSSS	
BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V---V-XVE-K-TSQA	
FR4	2f	-----I-----I---V--I--K-NSHF	
BNL4	2g	-----V---V--V--K-TSTM	
BNL5	2h	--I-----V--K-TSHS	
BNL6	2i	--I-----I---V--V--A-RS-S	
HCV-TR	3b	-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--	
GB116	4c	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V	
DK13	4d	-----L-----NY---S-V	
CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I	
GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V	
G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I	
GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I	
GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I	
BNL7	4k	--I-F-----INY--VS-I	
BNL8	4k	--I-----INY--TS-I	
BNL9	4k	--I-----INYH-TS-I	
BNL9	4k	--I-----I--X--X-----TNY--VS-I	
BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I	
BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I	
BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I	
HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--	
FR1	7a	-----AI-----T---I--K-AS-I	
VN4	8a	-----XXI--X---X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--	
VN12	9a	-X---AI---I-----X-----T---LNYA-KS--	
NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--	

Figure 2 - continued

		201	250
HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD	
HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N	
BNL1	1d	-----S---I--MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX	
BNL2	1d	--L---S---I--MSGM--A-----N-S---MXL---L-VK-	
FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I-----PL---L-A-I	
HC-J6	2a	-M-----T-D--TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQQ	
HC-J8	2b	-YA---S-N--TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH	
CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q	
NE92	2d	-M-----Q-----WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ	
BNL3	2e	-MA---S-N--WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK	
FR4	2f	-MA---A-D--WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR	
BNL4	2g	-MA---S-N--IWQMQG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNQ	
BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSQ	
BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ	
HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V--L-----TT--Q-S--TTVST---V-T	
GB116	4c	--I-----DYH---L---L---V--Q-----L-----APY	
DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL-----AQH	
CAM600	4e	--I-----A---TENH---L-----T--Q-----L-----SPY	
GB809	4e	--I-----A---TDNH---L-----KT--Q-----L-----SPY	
G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T--Q-----L---L-APY	
GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T---PL-----APY	
GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V---IPL-----VPY	
BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY	
BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L-----APY	
BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY	
BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L-----APY	
BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H---L-----APY	
BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API	
GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T--V---TPV-----AVS	
BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS	
HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN	
FR1	7a	--L---S-N--F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN	
VN4	8a	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN	
VN12	9a	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN	
NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T---IPVSX---VKS	

26/74

Figure 2 - continued

		251	300
HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQLFTFSPPRHWT	
HCV-J	1b	SSI-T-TI---V-----A-A---M-----S-----YE-	
BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----M-H-	
BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-----LYH-	
FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF--M-I-----G-----TS----	
HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA--F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF	
BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF	
BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A--V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A--F-----	
HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-	
GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I-----GL-----M--Q-----	
GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M--Q-----	
G22	4f	LGA-LESM---V--M--T-----GI--A--M--R--L---	
GB549	4g	VGA-LESM---V--M--A--V-----I-----G-----M--R-----	
GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X--GL-----M-SXQ-----	
BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----	
GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A-----V-----GA-----M--Q-----	
BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
FR1	7a	SSV-IHGF---V-----A-AF--M-I-----II-----R-KY-QV	
VN4	8a	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF--M-----GL-----LR--M-QV	
VN12	9a	ASVSIRGV-E-V-----A-AF--M-----GL-----R--MYEI	
NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

Figure 2 - continued

		301	319
HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	--E-----	
BNL2	1d	--E-----	
FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	--E-----Q-----	
CH610	2c	V-E-----X	
NE92	2d	V-D-----	
BNL3	2e	V-E-----	
FR4	2f	V-E-----X	
BNL4	2g	S-D-----	
BNL5	2h	V-D-----	
HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
GB116	4c	--D-----A--V-----	
DK13	4d	--D-----T-----	
CAM600	4e	--D-----T-----	
GB809	4e	--D-----A-----	
G22	4f	--E-----T-----	
GB549	4g	--D-----D-----	
GB438	4h	--D-----V-----	
BNL7	4k	--D-----	
BNL8	4k	A-D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL10	4k	--E-----	
BNL11	4l	V-D-----	
GB724	4x	--D-----T-----	
BE95	5a	V-N-----S--V-----	
HK2	6a	V-D-----T--V-----	
FR1	7a	--D-----XNX--V-----	
VN4	8a	V-E-----T-----	
VN12	9a	A-D-----A-----	
NE98	10a	V-D-----	

28/74

Figure 3

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTACAACTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCCGYCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCGGGTATCCTTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)

GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAACCTTGCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTTG
CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCGTGCCCTGCGTTGCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGRGACCTTTGCGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTACCCCGCATGCACCATAACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTT
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)

GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTGCGGAGAACAACCTCTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGACGCCATGTGCACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTCTTCCTTGTGCGCCAGCTATTC
ACCTTTTACCCCGCTTGTACCATAACAACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGGCCCTAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

T06050"2ETT5B50

29 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCTCGCG
GCTCCCGTCTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTTGGGTAAAG
TCATCGATAACCCTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTCGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCCTGNCACATGGTGTCCGGGTCTTGGNAGGCGGCGTGATNNN
NNNNNNNNNNAACCTTCCNGGTTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTTGGCNTTACTCTCTTGCCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACAACCGATGGCTACCATGTCTACTAATGACTGTTT
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAAGGACATCATCCTTCACACGCCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTCACCCCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTGACCTCCTCGTGGGGGCAGCCGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGGCGTCTTCTCGTGGGCAATTGTTACCTTCACGTCCCG
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCTTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)

ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGGTACATNCCCGTTGTGCGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGGGGTCTTGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGTTTGTCTCTTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTGTGTACCGCTGCCTGTCTCTGNCGT
TGAGGTCAAAAATACCAAGTCAAGCCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTTCATGTTTCTGGATGTGTCCCCTGCGAGAATAGCTCCGGTTCGGTT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAAACCTGGTGCTCTACCAAGGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCCGTGCTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCAGCGCCATTACTTCGTCCA
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTCATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAAGAAACACTAACCGTCGCCCCACAGGAC
GTAAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTCGCCCTCGTG
GGGCCCCAAACGACCCCCGGCACAGGTACGCAACTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACGTG
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGGTACATACCTGTCTGTCGGCGCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGCCCGGT
TGCTCCTTTTCTATCTTCTTGGTGGCTCTCTTGTCTTGTATCACCGTGCCCGTGTCTGCCATACAG
GTAAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCTGGATGTGTCCCCTGTGAGAGGTGAGGTAATAGGACCTTC
TGTTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGCTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATACCATCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTCTCACCAGCAATACCATACTTTTGTCCAGGAA
TGCAACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

3 0 / 7 4

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)

GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTCACCGTGCTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCCAACAACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCTTGGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACCAGCCCGGCGCCCTCACTAGGGGCTTGCGGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACTTTTCCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACCTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)

GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGTGGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGCGCTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCCTCAGCACCACATCTTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)

GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGCAATCACCCTGCCGGTCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGCTCCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAAGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTTGTCGCGTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCTTGATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTCGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTTACGGTAAT
GAGGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)

GACGGGATCAATTTTGAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGACCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGGTGGGGGCCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGGYGGCTTGTTCTAGTCGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCAAGGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACCACATCTTGCACCTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCGACCACGACGCCACTGGACTGCCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTATCATATC
ACCAACGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCATCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAATCAGTCAGATTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTGCAGGATCATGTGGATCTGATGGTGGGGCGGCC
ACTGTCTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGTTGCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCGACCACGGCGCCACTGGACCACCCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTTCTATCTTCCTTYTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGTCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTAGCACTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAACCAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGCGCGCCGCTTGAGTCCCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGAYTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTYCAGCCTCGGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTGTTGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGA
TGCGTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGATCTGTGCGGTGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCGACCACGGCGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCATCCTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCTCGGCTTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACCACGTC
ACCAACGACTGCCCCGAACCTCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCAGGG
TGTGTACCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTTAAACCTACCGTGGCC
GCGCCATACTTTTCGGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCTATCGTCTGCCCTCTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCTAGTGGGGCAGATGTTT
ACCTTCCAGCCGCTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGAAACACCAACCGTCGCCCCACAGGACGTC
AAGTTCCTCGGGTGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCCCTCGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGGGGTAGACGCCAACCTATAACCG
AAGGTGCGTACCAAACGGGCGGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCTCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGGCCCTAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCGATACCCCTTACTTGNGGSTTCGCCGAC
CTCATAGAGTACATTCC

32/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCATCCGCCGCCACACA
 GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
 GGGCCCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
 TAGGCGCCAACCAATACCCAAAGTGCGCCACCAACGGGGCGTACCTGGGGCCAGCCCGG
 GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAATGAGGGCTGTGGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
 CCGCGGCTCTCGCCCCAATTGGGGCCCCAAACGACCCCCGGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
 TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTAG
 GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCGCGGNGGCCTTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGGNGTAA
 ATTACGCAACAGNGAATCTTCCCGGNGCTCTNCTCTATCTTNCTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
 TTACAACACCAGCCTCCGCGGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCACGACT
 GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCCTTGCCTGGGTGTGTACCTT
 GTGTGAAGRTGRACAATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCTCCCCGACCCTGGCAGTGCCGAACG
 CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCCGCAAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGTT
 CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
 CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAAGTGTTCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
 GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACAAACCGTCGCCCAATGGATGTC
 AAGTTCCCGGGCGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTACCGCGCAGGGGGCCACGTTTG
 GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAACCAATACCC
 AAGGTGCGCGCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCTTTATGGGAAC
 GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGGNCCCAAT
 GACCCCCGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTTCATCG
 ACACCCTCACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCT
 TGGAGGCGTTGCGGCGGAACCTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC
 AGGGAATCTTCTGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCCTCACCACGCC
 TGCCTCCGCACTAACTATGCTAACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
 CAGCATTTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCATCTCCCGGGTTGCGTCCCCTGCGTGAAGAC
 CGGCAACCTGACCAAGTGTGCTGTGCGCCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAATGCGTGGTGTGTC
 CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA
 CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTACGTTTCAGACCCAGGATGTA
 TGAGATCGCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAATACTAACCCTCGCCCTATGGAC
 GTCAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGTCGCGCAGGGGGC
 CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
 CGCCAGCCCATAACAAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
 CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGC
 GGGTCTCGTCTTAATTGGGGCCCCAACGACCCCCGGCGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG
 GTCATCGATAACCCTTACATNCGGNCTAGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTTAGGAGG
 GCCGCTTGGCGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGCGTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
 CGCAACAGGGAATCTTCTGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTAGCACTGTTATCGTGCCTCAC
 TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAACGCTCTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
 GAACAACAGCATCGTTTTTGGAGGCGGAGACCATGATACTGCATCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
 CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCACCTTAGCCGTCGCCAACATCATC
 AGTGCCAATCCACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTGTTCGGC
 CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTACTTTTCAGGCCATAA
 GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAAGTGTCTATNAACNCTGGCCACGTACAGGGACACAGGAT
 GGCA

33/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCAGGCGGCGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGCAGGGGCCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTTCGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCCTATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGCGGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGACTCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCGCC
GTGAAGTCGCCCTGCGCCGCCACCGCCTCTCTCCGCACGCACGTGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCCTATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGAGGCGGGGTTT
TCATGGAGACATCGCCAGCATTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACATCGGGGGCCCYCTAACCAATTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGCAA
CACCTTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTCTGTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACGTGCGGGGGCCCCCTAACCAATTC
AAAGGGGCAGAACTGCGGCTATCGTCGGTGTGCGCTAGCGGCGTGCTGACCACCAGCTGCGGCAA
CACCTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCTGTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTCGAGGAATCAATCTACCAGTGCTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTATATCGGGGGTCCCCCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGTAA
TACCCTCACATGTTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCTGTTATCTGTGAGAGTGCRGGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
GATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTGGGTGCGGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTTCGCAACCTCGTGGGAG
GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCGGACCCGAGGGCAGGTCTTGGGCGCAGCCCCGGTA
CCCCTGGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGCAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTCG
CGGCTCCCGTCCTAGTTGGGGTCCTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCGGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACCAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCCTGACAAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGTGCTTATCTGCGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTTCAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCCGCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTCGGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGGACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTGGGGCAGGG
TGGCTCCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCCCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACATGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGG
TACATTCCGCTCGTCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGGATCTACCACGTACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCCTTTTCCCCCACGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
TCGGCGACACGTGCACTTGCTTGTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCCTCGTCGGCCAACTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGARTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTCACCAACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCTCACATGCTACCTGAAAGCCCGCGCGGCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCGTTATCTGTGAGAGTGCAGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTCCCTTACCCGA
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCAGGAGGACGACCGGAA
CCTGANNNNNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTTCACAGAGAGGGATATAAGAAGTGGAGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCCGAGCTGCCATACATTTCATTAAGTGGAGAGCTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCCAGCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTGGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCCGAAGTGCCATACATTTCATTGACTGAGAGACTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCACGAT
GCTGGTTTGTGGCGACGATCTGGTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGGATAAACCCTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCATCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGTCNTGCAGGGG
NCCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCATCCCGAAAGATCGGNGCACCCTGGCAAGTCCTGGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGG
GGGCTCCCGCCCGTTCATGGGGCCCCACGGACCCCCGGCATAGGTGCGCAACTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCTGTCGTTGG
CGCCCCAGTAGNGGCGTCGCCAGAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCCTGGAGGACGG
GATAAACTATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGTCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA
CATGGTGACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGTGCT
TCACGTTCTGGATGCGTCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGGCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCCCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATCGTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAAGTGTCCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGGAGAGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCCTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCAGGCGGCTGCGAGGGCCGCGGGCATTTGTTGCACCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTCGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

3 6 / 7 4

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 79 (FR18, 21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCCGACTGTCATACATTGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCCTGTGGATACAGGCGTTGTGCGGCCAGCGGGGTGTTCACTACTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCCACAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64, 3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATAACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCCGTGCGCTGCTAGCGGTGTATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATAACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCGGGCCTTCAAGACC
CATCATTCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCGKCGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8, 4k)

CTCCACTGTAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTTGTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGGCCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTTCGGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12, 41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCCGCAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTCTACTTGGGCGGGCCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGCAGCGGAGTGACACCACAAGTTTCGGGAA
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCTAAAAGACTGCACCAT
GCTGGTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81, 4m)

CTCCACCGTAACCGAAAAGGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTAAACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGCCGGCCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTTCGGGGACGACCTGGTTCGTCATCGCAGAGAGCGATGGCGTGGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13, 7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGCTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCACCATCCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATTTTCGGAGAGTTTGGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCACGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCACGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCCATGATGAACTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATAACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCACGAGCTTGGGCAA
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTCAAAAACCTATGACAT
GTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCGTCACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGCGGGCCCCATGTACAACCTC
TCGAGGTTCAGTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTCACCACAAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCCGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGGCCCTATGTACAACCTC
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCCCTGAAGGCAACCGCCGCTTGCCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCTAACTGAGAGTGCTGGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAACTTTCCATCTTTTCCAGGCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCTTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA
CACAAATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGGCAGCTACCAAAGCTGCCGGAATTA AAAATCCATCATT
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTTCGTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCCGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGGCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGAGGAGGACCAGCGGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTAYYTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGGAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGGCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAAAGCAGCTTGTAAGCYGCTGGCATTGTTGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA
CCTAC

Figure 3 - continued

38/74

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGGATTAACCCACTCTATGCCCCGAGATTTGGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTAAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCAGCCGCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGGTAGGCGCACACCACGGCCGTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)

CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYTATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAAGGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPI
KAXRXEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPXTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLGGSVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRDRRQPIPI
KARQSDGXXWAQPGHPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLTPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLGGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRRAARKTSESRQPRGRRQPIPI
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPI
KARRPEGRSWAQPGYPWPPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAYEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNI SRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGAAVFC SAMYIGDL CGGVFLVGQLFTFTSRHWT
VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPI
KDRXATGRSWGRPGYPWPPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)

TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSVXV
EVKNTSQA YMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVP GCVPCENS SGRFHCWIPISPNIAVSKPGALTKGL
RARIDAVVMSATLCSALYVG DVC GAVMIAAQA FIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

39/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSESRQPRGRRQPI
KDRRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNS
HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVPGCVPCEKSGNRTFCWTAVSPNVAVSREGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCSIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIWQMGAHLHVPG
CVPCELQGNKSRWCIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCAGVMIAAQV
IVSPQHNFSDQCNCSI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEFGGGRSLAEYTCARRGKLRRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNSSIVWQLKDAVLHVPG
CVPCEKQHQSRWCIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
MISPOHHIFVQDCNCSI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNSSIVWQLEEAHLHVPG
CVPCEWKDNTSRWCIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPI
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYYVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCVREGNQSRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCSI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCVRTGNQSRCWALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGFLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCSI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCVRVGNQSSCWALTPTTAAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGFLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCSI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)

DGINYATGNIPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILALPG
CVPCVRVGNQSRCWALTPTVAAPYTAAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGGFLFLVGQMF
SXQPRRHWTQDCNCSI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)

DGINYATGXLPGCFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP
CVPCVKEGNHSRCWALTPTTAAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLGGFLFLVGQMF
SFRPRRHWTQECNCSI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)

DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLP
CVPCVKTGNTSRCWALTPTTAAAPILSAPLMSVRRHVDLMVGAATLSSALYVGDLGGFLFLVGQMF
TFQPRRHWTQDCNCSI

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPQDVKEPFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPKVRHQTGRRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXFADLIEYI

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPQDVKEPFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPKVRHQTGRRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSIKLLALLSCLTTPASAAHYTNKSGLYHLTNDPCNSSIVYEAEATLILHLP GCVPVCVKKXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDIMVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTLRPRMHQVVQECNCSTYTGHTGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPMDVKEPFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQARGRRQPIPKVRQNOQGRRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXRSRNLGKVIDTLTCGFADLMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVR AIEDGINYATGNLPGCSFSIFXLALLSCLTTPASALNYANKSGLYHLTNDPCNSSIVYEANGMILHLP GCVPVCVKTGNLTKCWLSASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL LVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTFRPRMYEIAQDCNCSTYAGHTGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPMDVKEPFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPKVRQPTGRSWGQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLADLMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNASGIYHLTNDCSNNSIVFEAETMILHLP GCVPVCIKAGNESRCWLPVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL LVGAAAFCSAMYIGDLCGSIILVGQLFTFRPKYHQVTQDCNC SXNXGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPQDVKEPFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRSRRRQPIKRARRTEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLP GCVPVRSNTSRCWIPVSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMVMXAATLCSALYVGDLGALFLXGQGF SWRHQRHWTVQDCNCSTI

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIAKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDLIVICESAGVEEDAANLRA

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIAKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLIVICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIAKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLIVICESXGVEEDAANLRV

41/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRLGVRRAARKTSERSQPRGRRQPIPKERRPEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCLXFADLMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESYQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCYRRCRASGVLTTSCGNTLTCYIKALAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVIICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESYQCCDLDPARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCYRRCRASGVLTTSCGNTLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVIICEIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIPKARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPHGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEESYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCYRRCRASGVLTTSCGNTLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVIICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTTSMGNTITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGVEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGNTITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGAEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGNTITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLXCRXPRXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIPKDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXDLMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXNTYMTVNDCSNXSITWQLXXAVLHVP GCVP CEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTIVASATFCSALYIGDVC GAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLSLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGNTITCYLKAQAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGTEDERNLRP

42/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 80 (FR18,21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVISESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64,3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPSTSYGN
TITCYIKARAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8,4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVVIAESDGVVEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12,41)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGEELCGYRRCRASGVYTTSFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESEGVVEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81,4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVVEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13,7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCCKLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKQACGYRRCRASGVLTITILAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVISESLGVSEDT SALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4,7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSALTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTTS LGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNDMLVCGDDLVVIAESGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12,7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSALTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKAQAACRAXKLKNFDMMLVCGDDLVVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1,9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQQLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKQQLCGQRRCRASGVLPSTSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVTESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98,10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSALTERLYCGGPMFNSKQHCGYRRCRASGVLPSTFGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDLVVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14,11a)

STVTERDIRTEESIYLSQQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVISESXGVVEDQRDRLV

Figure 3 - continued

43/74

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVI SE SKGVEEDQ RDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVVRATRKT SERSQPRGRRQPI P
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVI SE SKGVEEDQ RDLRX

44/74

Figure 4. Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	1	50
HCV-1	1a		MSTNPKPQKKNKRNTRPQDVKFPGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
HCV-J	1b		-----R-T-----	
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
BNL2	1d	6	-----R-T-----X-----	
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V-----A-----	
FR2	1f	12	-----R-T-----	
FR16	1g	66	-----R-T-----I-----	
HC-J6	2a		-----R-T-----	
HC-J8	2b		-----R-T-----	
CH610	2c		-----R-T-----	
NE92	2d		-----R-T-----	
BNL3	2e	14	-----R-T-----	
FR4	2f	18	-----R-T-----	
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X	
EB1	3a		-----R-T-----I-----V-----C-----	
NZL1	3a		-----R-T-----I-----V-----	
HCV-TR	3b		-----RQT-----L-----N-----V-----	
GB358	4c		-----R-T-----M-----	
DK13	4d		-----R-T-----M-----	
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	
GB809	4e		-----L-R-T-----M-----	
HPCCOREEZA	4?		-----T-----	
HPCCOREZB	4?		-----M-----	
HPCCOREZC	4?		-----M-----	
GB724	4?		-----R-T-----M-----	
BNL7	4k	28	-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----M-----	
HK2	6a		-----L-----T-----	
VN13	7a	46	-----L-----	
VN4	7c	44	-----L-----I-----	
VN12	7d	48	-----L-----M-----	
FR1	9a	42	-----L-----M-----	
NE98	10a	50	-----L-----R-T-----X-----V-----Q-----V-----	
FR19	11a	104	-----RQT-----	

45/74

T06050" BETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	core-V	100
HCV-1	1a	51	KTSESRQPRRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP	
HCV-J	1b		-----M-----	
BNL1	1d	2	-----X-X--S-----	
BNL2	1d	6	-----D-----QSD-XX--H-----	
CAM1078	1e	10/60	-----E-----S-----A-----	
FR2	1f	12	-----S-----S-----	
FR16	1g	66	-----S-----S-----M-----	
HCJ6	2a		-----D--ST-KS-GK-----L-----	
HCJ8	2b		-----D--ST-KS-GK-----L-----	
CH610	2c		-----D--TT-KS-GR-----L-----	
NE92	2d		-----D--T-KS-GK-----L-----	
BNL3	2e	14	-----D-XAT--S-GR-----L-----	
FR4	2f	18	-----D-AT-KS-GR-----L-----	
FR13	2k	76	-----D-XTT-KS-GR-----L-----	
EB1	3a		-----S-----S-----	
NZL1	3a		-----S-----S-----	
HCV-TR	3b		-----KQ-HL--SR--S-----K--L-----	
GB358	4c		-----S-----S-----	
DK13	4d		-----QL--S-----	
CAM600	4e		-----T--S-----	
GB809	4e		-----S--S-----	
BNL7	4k	28	-----S--S-----X-----	
HPCCOREEZA	4?		-----S--S-----F-----	
HPCCOREZB	4?		-----S--S-----	
HPCCOREZC	4?		-----S--S-----K-----	
GB724	4?		-----S--S-----A-----	
BE95	5a		-----Q-T--S-G-----A--L-----	
HK2	6a		-----Q-Q--H-----	
VN13	7a	46	-----V-HQT-----	
VN4	7c	44	-----V-HQT-----	
VN12	7d	48	-----A--V-QNQ-----	
FR1	9a	42	-----V-Q-T--S-G-----	
NE98	10a	50	-----S--R--T--S-----	
FR19	11a	104	-----V--TT-----	

46/74

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a		RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGAARA	
HCV-J	1b			
BNL1	1d	2	-----N-----	
BNL2	1d	6	-----	
CAM1078	1e	10/60	-----X-----	
FR2	1f	12	-----N-----	S-T
FR16	1g	66	H-----S-----	V-----
HC-J6	2a		-----N-----H-----V-----	V-----
HC-J8	2b		-----T-----H-----R-----I-----	V-----V-----
CH610	2c		-----H-----	V-----V-----
NE92	2d		-----H-----	V-----V-----
BNL3	2e	14/16	-----XX-----	V-----V-----X-----
FR4	2f	18	-----N-----H-----	V-----V-----
FR13	2k	76	-----H-----X-----	V-----V-----
HCV-TR	3b		-----N-----F-----	V-----V-----
GB116	4c		-----N-----	V-----V-----
DK13	4d		-----N-----X-----	V-----V-----
CAM600	4e		-----X-----	V-----V-----
GB809	4e		-----N-----	V-----V-----
G22	4f		-----	V-----V-----
GB549	4g		-----	V-----V-----
GB438	4h		-----	V-----V-----
BNL7	4k	28	-----N-----	V-----V-----
BE95	5a		-----N-----K-----	G-I-----V-----
HK2	6a		-----H-----N-----	V-----V-----A-----
VN13	7a	46	X-----N-----X-----XX-----IE-----	
VN4	7c	44	-----N-----	V-----X-----V-----X-----
VN12	7d	48	-----D-X-N-----X-----	E-----V-----V-----AE-----
FR1	9a	42	-----N-----N-----XXL-----	VL-G-----V-----A-----
NE98	10a	50	-----N-----	

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

47/74

T06050 "BETTS60"

Isolate	Type	SEQ ID	151	V1	200
HCV1	1a		LAHGVRLVDGNYATGNLPGCSFIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL		
HCV-J	1b		-----I-----E-----VS-I		
BNL1	1d	4	-----XT-HE-----AS-V		
BNL2	1d	8	-----TT-HE-----AS-V		
FR2	1f	12	-X-----XG-----XX-----X-----E-HST-DG		
FR16	1g	66	--Q-F-D-		
HC-J6	2a		-----F-----I-T-V-----AE-K-ISTG		
HC-J8	2b		-----I-----V-----VE-----ISSS		
CH610	2c		-----I-----S-----IS-V-----VE-K-TSTS		
S83	2c		-----VE-KDTGDS		
NE92	2d		-----I-----I-----V-GL-----K-TSSS		
BNL3	2e	16	--X-----I-X-----V-----V-XVE-K-TSQA		
FR4	2f	18	-----I-----I-----V-----I-K-NSHF		
BNL4	2g	20	-----V-----V-----V-K-TSTM		
BNL5	2h	24	-----I-----V-----V-K-TSHS		
BNL6	2i	26	-----I-----I-----V-----V-A-RS-S		
FR13	2k	76	-----I-E-----S-----/I-X-V-----VEIK-TXNT		
BR36	3a		-----LEW--TS--		
HCV-TR	3b		-----A-G-----F-----C-----GLEYT-TS--		
Z4	4a		-----EHY--AS-I		
GB809-4	4a		-----EHY--AS-I		
Z1	4b		-----VHY--AS-V		
GB116	4c		-E-----AV-----I-----S-----T-----VNY--AS-V		
GB215	4c		-----IHY--AS-V		
GB358	4c		-----VNY--AS-I		
DK13	4d		-----L-----NY--S-V		
CAM600	4e		-----AV-----I-----T-----VNY--AS-I		
GB809-2	4e		-----AV-----I-----GVNY--AS-V		
CAMG22	4f		-----AV-----I-----VHYH-TS-I		
CAMG27	4f		-----VHYH-TS-I		
GB549	4g		-----AV-----I-----QHY--IS-I		
GB438	4h		-----AV-----I-----V-R-----QHY--AS-I		
BNL7	4k	30	-----I-F-----IN-Y--VS-I		
BNL8	4k	32	-----I-----IN-Y--TS-I		
BNL9	4k	34	-----I-----IN-YH-TS-I		
BNL10	4k	36	-----I-----I-X-----X-----TNY--VS-I		

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

4 8 / 7 4

T06050" BFT5360

BNL11	4k	38	--I--X--	----	TNY--VS-I
BNL12	41	40	--I--	----	QHY--VS-I
BE95	5a		-----	I-----	VPY--AS-I
BE100	5a		-----		VPY--AS-I
HK2	6a		-----AI--I--	-----T--	LTYG--S--
VN4	7c	44	-----XXI--X--	-----X--	AHYT--KS--
VN12	7d	48	-X-----AI--I--	-----X--	LNVA--KS--
FR1	9a	42	-----AI--	-----T--	I--K--AS-I
NE98	10a	52	--I-F-----	F--LT--	TAGLEY--AS--

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
HCV-1	1a	201	YHVTNDCPNSSIVYEAAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMPTVATRD			250
HCV-J	1b		---	---	---	---
BNL1	1d	4	---	---	---	---
BNL2	1d	8	---	---	---	---
FR2	1f	12	---	---	---	---
HC-J6	2a		---	---	---	---
HC-J8	2b		---	---	---	---
CH610	2c		---	---	---	---
S83	2c		---	---	---	---
NE92	2d		---	---	---	---
BNL3	2e	16	---	---	---	---
FR4	2f	18	---	---	---	---
BNL4	2g	20	---	---	---	---
BNL5	2h	24	---	---	---	---
BNL6	2i	26	---	---	---	---
FR13	2k	76	---	---	---	---
BR36	3a		---	---	---	---
HCVTR	3b		---	---	---	---
Z4	4a		---	---	---	---
GB809-4	4a		---	---	---	---
Z1	4b		---	---	---	---
GB116	4c		---	---	---	---
GB215	4c		---	---	---	---
GB358	4c		---	---	---	---
DK13	4d		---	---	---	---
CAM600	4e		---	---	---	---
GB809-2	4e		---	---	---	---
CAMG22	4f		---	---	---	---
CAMG27	4f		---	---	---	---
GB549	4g		---	---	---	---
GB438	4h		---	---	---	---
BNL7	4k	30	---	---	---	---
BNL8	4k	32	---	---	---	---
BNL9	4k	34	---	---	---	---
BNL10	4k	36	---	---	---	---
BNL11	4k	38	---	---	---	---

50/74

106050" BE T5860

BNL12	41	40	-----SDHH-----L-----KT--T-----L-----API
GB724	4x		--I-----V-----TDHH-----L-----T--V-----TPV-----AVS
BE95	5a		-----DNL-----A-----MT--V-----QI-----LSAPS
BE100	5a		-----D--L-----A-----KD-V-----QI-----LSAPS
HK2	6a		--L-----L--DAM--L--L-----VDDR-T--H--V-----L-IPN
VN4	7c	44	--L-----ETL-----L-----KXX-Q-----QAS-----L-VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM-----L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN
FR1	9a	42	--L-----S-N--F--ETM--L-----IKA--E-----LPVS--L-VPN
NE98	10a	52	-M-----S-G-----G-I--L-----S--T-----IPVSX---VKS

3 1 / 7 4

T06050" EET5360

Isolate	Type	SEQ ID	V4		V5	
			251	300		
HCV-1	1a		GKLPATQRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCSVFLVGQLFTESPRRHWT			
HCV-J	1b		SSI-T-TI--V--A-A--M--S--			YE--
BNL1	1d	4	ASV-TXAI--V--XX-F--M-X--A--			M-H--
BNL2	1d	8	ANV-TAAI--V--T-AFR--M--			LYH--
FR2	1f	12	ANA-IDEV--V--A-VF--M-I--G--			TS--
HC-J6	2a		PGALTQG--T--MV-M--			G-M-AA-M-IV--QH--F
HC-J8	2b		RGALTRS--T-V-MI-MA--A--			V--A-MILS-A-MV--Q--NF
CH610	2c		PGTLTKG--A-V-VI-M--			V--ALMIAA-AVIA--Q--TF
S83	2c		PGALTKG--A--II-M--V--			V--ALM-AA-VVV--QH-TF
NE92	2d		PGALTKG--T--TIIA--F--			I--A-M-AS-V-II--QH-KF
BNL3	2e	16	PGALTKG--AR--AV-M--			V--A-MIAA-A-IVA-K--YF
FR4	2f	18	PGALTRG--A--TI-M--			I--A-MIAA-VAVV--QY-TF
BNL4	2g	20	PGALTRG--T--TI-MV--			I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF
BNL5	2h	24	PGALTRG--T--TI-A--V--			F--A-M--S-F-MI--QH-IF
BNL6	2i	26	PGAXTKG--T--II-A--F--			
FR13	2k	76	PGALTEG--S--TI-A--F--			I--V--AIMIAA-VVIV--EH-HF
BR36	3a		VGATTASI-S-V--A-M--			M--A--A--R--Q--
HCVTR	3b		LGVTTASI-T-V-M--ARQ--			AF-A--A--R--T--
Z4	4a		PGA-LESEF--V-M-A--V-V--			GA-M-MI--R--
GB809-4	4a		MDA-LESEF--V-M-A--V-V--			GA--M--Q--
Z1	4b		PNA-LESM--V-M-A--M--F-I--			G--D-R--
GB116	4c		VGA-LES--S-V-M-A--V--I--			G--M-S-Q--
GB215	4c		IGA-VESF--V-MM-A--V--I--			G--M-S-R--
GB358	4c		IGA-LES--S-V-M-A--A--I--			G--M-S-Q--
DK13	4d		LNA-LES--V-M-G--I--V-G--			Q--
CAM600	4e		AGA-LEP--V-M-A--M--I--			GL--M--Q--
GB809-2	4e		VGA-LEP--V-M-A--V--			GL--M--Q--
CAMG22	4f		LGA-LESM--V-M--T--			GI--A--M--R--L--
CAMG27	4f		IGA-LESM--V-M--T--			GI--M-N-R--L--
GB549	4g		VGA-LESM--V-M-A--V--I--			G--M--R--
GB438	4h		LGA-L-SV-Q-V-M-A--A--I--			H-G--A--MVS-Q--
BNL7	4k	30	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--			X-XGL--M-S-R--
BNL8	4k	32	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--			GL--M-S-R--
BNL9	4k	34	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--			GL--M-S-R--
BNL10	4k	36	TAA-LES--S-V-M-A--V--I--			X--GL--M-SXQ--
BNL11	4k	38	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--			GL--M-S-R--

52/74

T06050" EFT6360

BNL12	41	40	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M---Q-----
GB724	42		VDA-LESE---V--M--A-----V-----GA-----M---Q-----
BE95	5a		LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR---Q-A--
BE100	5a		FGAVTAP---AV-Y--G-A-----A--AL-----M--YR---Q-A--
HK2	6a		AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----
VN4	7c	44	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV
VN12	7d	48	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI
FR1	9a	42	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----I I-----R-KY-QV
NE98	10a	52	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q----

5 3 / 7 4

T06050 "BET5860

Isolate	Type	SEQ ID	V5	319
HCV-1	1a		301	TQGCNCSIYPGHITGHRMA
HCV-J	1b			V-D-----VS-----
BNL1	1d	4		--E-----
BNL2	1d	8		--E-----
FR2	1f	12		V-D-----S-----XXX
HC-J6	2a			V-D-----T-----
HC-J8	2b			--E-----Q-----
CH610	2c			V-E-----R-----X
S83	2c			V-E-----R-----
NE92	2d			V-D-----
BNL3	2e	16		V-E-----
FR4	2f	18		V-E-----X
BNL4	2g	20		S-D-----
BNL5	2h	24		V-D-----
FR13	2k	76		V-D-----P-X
BR36	3a			V-T-----L-----LS-----
HCVTR	3b			V-T-----VS-----
24	4a			--E-----T-----
GB809-4	4a			--D-----T-----
21	4b			--D-----VS-----
GB116	4c			--D-----A-V-----
GB215	4c			--D-----A-----G-----
GB358	4c			--D-----A-V-----
DK13	4d			--D-----T-----
CAM600	4e			--D-----T-----
GB809	4e			--D-----A-----
CAMG22	4f			--E-----T-----
CAMG27	4f			--E-----
GB549	4g			--D-----D-----
GB438	4h			--D-----V-----
BNL7	4k	30		--D-----
BNL8	4k	32		A-D-----
BNL9	4k	34		--D-----
BNL10	4k	36		--D-----
BNL11	4k	38		--E-----
BNL12	4l	40		V-D-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

106050" 8875860

GB724	4x	--D----	T-----
BE95	5a	V-N----	S-V-----
BE100	5a	V-D----	S-V-----Q--
HK2	6a	V-D----	T-V-----
VN4	7c	V-E----	T-----
VN12	7d	A-D----	A-----
FR1	9a	--D----	XX--V-----
NE98	10a	V-D----	-----

5 5 / 7 4

Figure 5. NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a		CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGGAGGAGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b		---A-G---AT---AT---T---AT---T---	
BE90	1b		N--A---C---A---GTT---T---T---	
BNL1	1d	53	---G---T---AT---GTC---AT---A---	
BNL2	1d	55	---G---T---A---C---RAT---T---	
FR17	1d	57	---G---T---A---T---GTC---AT---G---	
CAM1078	1e	61	---A-G---AGCT---T---A---T-C-A---	
FR2	1f	63	N--A---T---T---A---T-C---	
FR16	1g	67	NNNNNN---T---T---GTC---RT---T---	
HC-J6	2a		---A-C---A---A-G-T---T-C-A---T-GGG	
HC-J8	2b		---A-C---G---G---AA-A-A---A-AT-C-A---T-GG	
BNL3	2e	69	---G---A---A---T---AA-N-T---T-C-A---GG	
FR4	2f	71	---A-C---A---G-T---AA-A-T---T-C-A---TGG	
BNL5	2h	73	---A---G-G---A---A-G-C---T-C-T---TTG	
FR13	2k	77	A---A---A---A-AGTT---A---T-CG-T---T-TG-	
FR18	2l	79	---A---G---G---A-G-AT---T-C-A-T---TGG	
T1	3a		---A-T---ACAG---A-GGT---A-AG-A---	
T9	3b		---T-T---ACAT---A-G---AG-A---	
PAK64	3g	81	---T-T---ACAG-T---A-GGTA--A-A-A---	

5 6 / 7 4

T06050" BEEF9890

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
GB48	4c		-----T--A--C--A--AG-----A--GGTC-----AGG-----T--G--	
GB116	4c		-----T--A--C--A--AG-----A--GGTC-----AGG--A--T--G--	
GB215	4c		-----T--A--C--A--AA-----A--GGTC-----AGG--A--T--G--	
GB358	4c		-----T--A--C--A--AG-----A--GGTC-----AGG--G--T--G--	
GB809	4e		-----T--G-----A-----AAGGTC--A--A--G-----T--G--	
GB549	4g		-----G--G--C--A--G--T-----A--G--C-----A--AG-----G--	
BNL8	4k	83	-----T--A--C--A--AG-----A--GC--C-----A--AGG-----T--G--	
BNL12	4l	85	-----G--G-----A--AG-----A--GGTC-----A--AG-----T--G--	
EG81	4m	87	-----C--A--C--A--G-----A--GGTC-----AGG-----T--G--	
CHR18	5a		---G--C--T--C--ACAT-----AATG--T--A--T--T-----	
VN13	7a	89	---A-----A--C-----TG-----AG-----C--T--AC-----G--	
VN4	7c	91	---G-----C--C-----RC--C-----C--C--AC-----	
VN12	7d	93	---T--C-----G--C--T-----C--T--AC--C--AC-----T--G--	
FR1	9a	95	A-----G--G--C-----A--C--A--ACNA--AC--T-----TG--	
NE98	10a	97	-----T-----CAG-----A--GGTA--ACTTT--C-----TT--GG	
FR14	11a	99	---T--C-----A-----G--A--A--A--AT--C-----T--TG--	
FR15	11a	101	---T-----A-----A--G--A--A--A--AT--C-----YTTGG	
FR19	11a	105	---T--T-----A-----G--T--A--A--A-----AT--C--Y--T--TGG	

57 / 74

T06050" SETT5860

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	7982
HCV-J	1b	8031
BE90	1b	
BNL1	1d	
BNL2	1d	
FR17	1d	
CAM1078	1e	
FR2	1f	
FR16	1g	
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	
FR4	2f	
BNL5	2h	
FR13	2k	
FR18	2l	
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	

```

GTTGTGACCTCGACCCCAAGCCCGGTGGCCATCAAGTCCCTCACCAGAG
-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G---G-----A---
-----T-G-C-----G-G---A-ACA-----A-----G-----A---
-----T-G-C-----G-G---T---AA-----A-----G-----
-----T-G-C---YG-G-----AA-----A-----G-----
-C-----T-G-C---G-G---AA-----A-----G-----
-C-----GC-----G-----A---T---A-----TT-G---T---A
-C-----T---A-----G-G---T---AA-----A-G-----A---
-C-----G-C---G-G---T---A-----A-----G-----T---
C-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C---A---G---T---
C-----TCT---GCCT-AAG-----A-AACT-T---AC-C---G-----T---
C-----TC-T-ACC-GAG-G---A-AACT-----AC-C---AT-G---T---
CC---CTC-T-ACC-GAG-G-----GACT-----AC-T---AT-A---T---
CC---CTC-T-ACC-GAG-----AACT-----AC-T---AT-G---T---
CC---TCA---TCC-GAGG-G-----A-CT-----AC-C---A---T---
CC---CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T---AC-T---G-----T---
-C---A---T---A---GG-G---A-GAGA-TG---TCC-----G-----
-C-----T---G---AG-G---T---GAA---G---GCG-T---A---
-----T---G---GG-G---TA-ACG---A---A---G---G---A

```

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4c		-----G-G-G-G-----AA--A--T-CCG-----A--A----	
GB116	4c		-----G-G-G-G-----AGA--A--T-CCG-----A--A----	
GB215	4c		-----G-G-G-G-----AA--TA--T-CCG-----A--A----	
GB358	4c		-----G-G-G-G-----AA--A--T-CTG-----A--A----	
GB809	4e		-----T-G-G-G-G-----AA--TA--AGCCG-----G-----	
GB549	4g		-C-C-----G-G-G-G-----AA--TG--ATCCG-----A--G--A	
BNL8	4k	83	-----G-G-G-G-----T-----AA--TT--T-CCG-----A--A	
BNL12	4l	85	-----G-R-G-G-----AAA--A--ATCCG-----A--A----	
EG81	4m	87	-----T-G-G-G-AG-G-----AA--A--ATCCG-----G-----	
CHR18	5a		CA-TGT--T-GC-G--TG-G-G--T-----A--ACG-----A--C-A	
VN13	7a	89	-C-----A-GT-G-G--GC-----A--GACA-----CA--G--T--T--C	
VN4	7c	91	-C--CC-A--T-----GGTG--A--AA--T--T-CA--T--G--T--	
VN12	7d	93	-C--CC-AT-A--T--GGT--A--GAAA-----T-CA--T--T--T--	
FR1	9a	95	CC--CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----T--	
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G-G--TA-GAG--TG--A-CT--A-----G--	
FR14	11a	99	C-----C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T--A--G--G--A--	
FR15	11a	101	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T--A--A--G--A--	
FR19	11a	103	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A--A--G--A--	

T06050" SET5860

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a		AGGCTTTATGTTGGGGCCCTCTTACCAATTCAGGGGGGAGAACTGCGG	
HCV-J	1b		C-----C-----T-C-G-T-----G-A-----C-----	
BE90	1b		C-----A-C-----T-C-G-T-----A-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	C-----G-CA-C-----Y-A-----AA-AC-----	
BNL2	1d	55	C-----G-C-C-----C-A-----A-----C-----	
FR17	1d	57	C-----G-A-C-----T-C-A-----C-----AA-C-----	
CAM1078	1e	61	-----G-C-C-----G-CT-G-----AA-----	
FR2	1f	63	-----A-C-----T-C-G-A-C-----AA-C-----	
FR16	1g	67	C-----C-----C-----C-----AA-AC-----	
HC-J6	2a		--A-----C-G-A-G-CA-GTT-----CAGC-A-----CC-C-----	
HC-J8	2b		--A-----C-A-A-G-CA-G-A-----CAGC-AA-----C-ATC-----	
BNL3	2e	69	--A-C-C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-ATC-----	
FR4	2f	71	--A-----C-G-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-TC-----	
BNL5	2h	73	--A-----C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-A-----AC-TC-----	
FR13	2k	77	-----G-C-G-A-T-CA-GCAG-----CAGC-A-----C-ATC-----	
FR18	2l	79	--A-C-CA-A-C-G-GA-G-TG-----CAGC-AA-----CC-TC-----T-----	
T1	3a		C-----CTGC-----A-GTT-----CAGC-A-----CCC-A-----T-----	
T9	3b		C-----G-CA-C-A-T-CA-GTA-----CAGT-A-----CTCC-G-----	
PAK64	3g	81	C-----C-----A-T-CA-GTT-----CAGC-A-----CTC-A-----	

T06050" EETK5860

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4c		--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG----	
GB116	4c		--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG----	
GB215	4c		--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--AGC-AA--A--CCTG----	
GB358	4c		--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG--T--	
GB809	4e		--A--C--C--G--C--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTT----	
GB549	4g		--A--C--C--G--C--T--CA-GTA--C--C-A--A--CCTA----	
BNL8	4k	83	--A--C--C--G--C--CA-GCA--CAGC-A--A--CCTT--T--	
BNL12	4l	85	--R--C--CT-G--C--CA-GTAT--CAGC-AA--CT----	
EG81	4m	87	--A--C--C--G--C--T--CA-GTTT--CAGC-A--A--CCTA--T--	
CHR18	5a		C-C--G--CTG--A--CA-GTAT--CAGC-A--A--CCTA--T--	
VN13	7a	89	C-AT-G--CTNC--T--T--CA-GTNT--C--T-AA--TC--GCA--T--	
VN4	7c	91	C-----G--CTGC--W--G--CA-G-TG--C--CC-T--TC-ATCA--T--	
VN12	7d	93	C-----G--CTGC--C--CA-GTA--C--TC-A--TC--TCA--T--	
FR1	9a	95	-----C-----A-GTA--C-----A--CC-ACT--T--	
NE98	10a	97	C-----CTG--T--T--A-GTT--CAGC-A--A--AC-AC-----	
FR14	11a	99	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-A--A--CC--GCT----	
FR15	11a	101	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-AA--CC--GC-----	
FR19	11a	105	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-A--A--CC--GC-----	

61 / 74

T06050" SET15860

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	8082
HCV-J	1b	8131
BE90	1b	
BNL1	1d	53
BNL2	1d	55
FR17	1d	57
CAM1078	1e	61
FR2	1f	63
FR16	1g	67
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	69
FR4	2f	71
BNL5	2h	73
FR13	2k	77
FR18	2l	79
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	81

CTATCGCAGTGCCGCGGCGGTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA
 T-----C-----A-T-----G-----G-----C-C-----
 -----C-A-----A-----G-----G-----C-----T-----
 ---C--TC-----C-----G-----T-----C-----C-----
 ---TC-----T-----G-----C-----C-----C-----
 ---C--TC-----C-----G-----T-----C-----C-----
 ---A-----T-----C-----CT-----C-----C-----
 ---C-----C-A-----T-----A-----C-----G-----C-----
 ---C-----C-----T-----T-----G-----T-----C-----
 G--CA-GC-T-----C-----G-----T-----C-----ATG-G-----
 ---CA-GC-T-----A-----T-----T-----C-----C-----ATG-G-----
 A--CA-GCAT-----C-----A-----G-----C-----C-----TATG-G-----
 A--CA-GC-T-----T-----A-----G-----C-----C-----TATG-G-----
 T--CA-AC-T-----C-----A-----G-----C-----C-----ATG-G-----
 A--CA-GC-C-----C-----G-----G-----C-----C-----ATG-G-----
 A--CA-GC-T-----T-----C-----G-----GT-----C-----ATG-G-----
 T-----C-----T-----C-----T-----A-----C-----C-----TC-----
 ---C-----C-----C-----C-----CT-----C-----T-----TC-----
 A-----C-----T-----T-----T-----T-----C-----AC-----

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4c		G---A---T---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB116	4c		G---A---T---CTAC-C-C---TC-G---	
GB215	4c		G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB358	4c		G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB809	4e		G---T---A---TAC-C-C---TC-G---	
GB549	4g		GC-A-G---A---G-CTAC-C-C---TC-G---	
BNL8	4k	83	G---G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
BNL12	4l	85	G---G---A---A---GTAC-C-A-T-TC-G---	
EG81	4m	87	---C---T---A---CTAC-C-C---TC-A---	
CHR18	5a		T---T---A---C---CT-C-C---TATG-C---	
VN13	7a	89	A---C---T---A-G-C-T---C-C-T-CTG-CC-T-	
VN4	7c	91	A---C---T---A-C-T---G-C-C-G---TG-C-T-	
VN12	7d	93	G---C---T---G-T-T-T-CT-C-C-A---TG-C---	
FR1	9a	95	TC-A---C-A---A---A---CC-C-A---ATG---	
NE98	10a	97	T---C---C-C---T-T-T-G-G-AC-C-C---TC-G---	
FR14	11a	99	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR15	11a	101	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR19	11a	105	A---CA-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	

T06050" SEFFS960

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	8132
HCV-J	1b	8181
BE90	1b	
BNL1	1d	
BNL2	1d	
FR17	1d	
CAM1078	1e	
FR2	1f	
FR16	1g	
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	
FR4	2f	
BNL5	2h	
FR13	2k	
FR18	2l	
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	
		81
		8132
		8181
		CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCGGCGAGCCTGTGAGCCGCGAGGCTC
		-----A--T--T-G-----ACT--G-----T--AA--
		-----T--A--T--C-A-----TCT-----T--GAA--
		-----G--A-----T-G-A--A--G-----T--AA--
		-----A-----T-G-A--A--G-----T--AA--
		-----A--T--T-G-A--A--G-----T--GAA--
		-----C-----T-----TA-----A-----T--CAA--
		-----C--T-----A-----A-----T--GAA--
		-----A-----C-G-A--G--C--G-----T--AA--
		-----A-----TG-G-A--T--TA--G-----AAG--T-----A-A
		-----A-G-A--T-----A-----TT-----G-----AAG--T-----A--
		-----A-----G-----TA--G--T-----AA-----A--AA--A
		-----A-----G--T--TG-G-A--TC-----T-----AA--T--G--CA--T
		-----A-----A-----TG-G-----ATTA--T-----CAA--T-----CA--
		-----T-----A-----T-G-----A--G-----CA-G-----G--CA--T
		-----A-----G-----TG-G-A--AT-----T--CA-----T--C-----A--T
		-----AA-----T-----ACA--G--TGCGAAG-----C-----
		-----AA-A--C--T-----ACT-----A-CA-G--T--G--T-----
		-----AA-----C-----A-A--G--TGC-----T--G--C--T

Figure 1 consists of 12 bar charts, each representing a different species. The y-axis for all charts is 'Percentage of total sample' ranging from 0 to 100. The x-axis for all charts is 'Sampling date' with dates from 1997 to 2000. The species are: 1. *P. tenuis*, 2. *P. tenuis*, 3. *P. tenuis*, 4. *P. tenuis*, 5. *P. tenuis*, 6. *P. tenuis*, 7. *P. tenuis*, 8. *P. tenuis*, 9. *P. tenuis*, 10. *P. tenuis*, 11. *P. tenuis*, 12. *P. tenuis*. The charts show the relative abundance of each species over time, with some species showing high dominance in specific years.

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
GB48	4c		-A-G-G-G-----C--A--TCA-C--TATCAA--G-G-----G	
GB116	4c		-A-G-G-G-----TC--A--TCA-C--TATCA--G-G-----G	
GB215	4c		-A-G-G-G-----TC--A--TCA-C--ATCA-G-GT-----G	
GB358	4c		-A-G-G-G-----C--A--TCA-C--TATCA--G-G-----G	
GB809	4e		-AA-G-G-G-----C-T--TCA-----ATCA-G-T--G-----A	
GB549	4g		-TG-A-G-G-T--TC-----GTT-G--TAC-A-G-----T--G	
BNL8	4k		-A-G-G-G-----C--A--TCA-T--TAT-A--G-----G	
BNL12	4l		-AG-G-C-----TC-T--ACC-----TACCA-G-T--C--A	
EG81	4m		-A-G-C-C-----C-----AC--C--TACCA--G-C-C--G	
CHR18	5a		-A-G-G-G-----T-----TTTA-CT-----A--AA-----	
VN13	7a	89	-T--G-----T-G-A--T-A--G--A--CA--T--C-----G	
VN4	7c	91	---A-A-----TT-G-A--A-AA-----G--A-G-A--AA-----	
VN12	7d	93	---A-G-A-----C-G-----T-A--G-T--A-G-A--RAA-----	
FR1	9a	95	---A--A-----T-C-G-----AACC-C-T--C-----A-C-CT-T	
NE98	10a	97	-AA--C-T-----A-AAA-----TACCAA--T--C--AA-T	
FR14	11a	99	---A-G-----T-----A-TAAA-G-T--AA-----T--CA-T	
FR15	11a	101	---A-G-----T-----AAR-----T--AA--Y-T--CA-T	
FR19	11a	105	---A-G-----T-----A--AA--G-T--AA-----T--CA-T	

T06050" RETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	8182	8231
HCV-J	1b		CAGGACTGCACCATGCTCGTGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA
BE90	1b		-----G-----AAC--A-----C-T-----
BNL1	1d	53	-----G-----C-G-----C-T-----
BNL2	1d	55	-----G-----C-G--T-----C-T-----
FR17	1d	57	-----A-----C-A-----C-T-----
CAM1078	1e	61	-----C-----C-G-----G-----C-----
FR2	1f	63	-----T-A-----C-----C-T-----C-----
FR16	1g	67	-----A-----C-----C-C-----C-----
HC-J6	2a		ATT-CGCC--A--G--A--C--T--G--T--C--CA--
HC-J8	2b		GT--CCTGTT--T-G--A--C--G--C--C--CA--
BNL3	2e	69	GT--C-CC--G--G--C--T--C--T--C--CA--
FR4	2f	71	GTT-C-CC--G--G--C--T--C-G--T--C--CA--
BNL5	2h	73	GTT-CTCC--G--G--T--TC-G--A-C--CA--
FR13	2k	77	GTT-CACC--A--G--C--G--C--C--CA--
FR18	2l	79	G-C-C-CC--A--T-G--A--C--G--C--CA--
T1	3a		-G-A--CCGGA-T-T--T--C--C--A--T--TC-G--AG-GGC--
T9	3b		A-A--CCAT-TT-C--T--C--C--A--T--G--G--A-C--
PAK64	3g	81	--A--CCAT-AT-C--T--C--C--A--T--T--G--G--AG-GGC--

6 6 / 7 4

T06050" BBTG860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	8182	AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--T-C--GC--
GB116	4c		AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--C--TGC--
GB215	4c		AGA-----T-----G-C-A--T--C-G--C--TGC--
GB358	4c		AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--C--TGC--
GB809	4e		A-----T-----G-T-C--T--A--C--G--GCC--
GB549	4g		A-A-GT-----G-----T-----A-----C-----
BNL8	4k	83	AGA-----G-T-C--T--G-----C--GC--
BNL12	4l	85	A-A-----G-C-C--T--G-----C--GCC--
EG81	4m	87	A-----T-----A-----G-T-C-G--C--GCA--
CHR18	5a		-----GC-C-G-----T-T--TC-T--G-CC--T-C--
VN13	7a	89	A-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-T--T-CG--
VN4	7c	91	A-AA-----ATGA-----T-A-C-C-A-----TC-----GCG--
VN12	7d	93	A-AA-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-----TGC--
FR1	9a	95	ACA--T-ATGA-----T-G-C-C-A-----T-G--T--CG-AAC--
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT-AT-C--T-C-C-C-A--T-----G--TGC--
FR14	11a	99	GTA-----CCGGTG-----C-T-----C--G--C--CA--
FR15	11a	101	GTT-----CCGGTG-----C-----C--G--C--CA--
FR19	11a	105	GTT-----CCAGTG-----C-----C--G--C--CA--

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
HCV-1	1a		AAGCGGGGGTCCAGGAGCGGGCGAGCCTGAGAGCC	
HCV-J	1b		G-T---AAC---T---GC-AC---	
BE90	1b		---AAC---A---AC---AC---T-	
BNL1	1d	53	G-T---A---G---A---A---AC---T-	
BNL2	1d	55	G---A---G---A---A---AC---T-	
FR17	1d	57	G-T-R-A---G---T---A---AC---T-	
CAM1078	1e	61	G-T-TA-AC---T---A---C---	
FR2	1f	63	G-T-A---N---N---TC-T---	
FR16	1g	67	G-T-----T-T-A-----	
HC-J6	2a		G---CA---AC-G-----A-CG-A---	
HC-J8	2b		G---CAA-TAA-G-----A-CGA-A---T	
BNL3	2e	69	G-TCA-A---G-----ACCG-A---	
FR4	2f	71	G-TCA---CTG-----A-CGA-A---T-	
BNL5	2h	73	G-TCA---AAC-G-----T-A-CG-A---T-	
FR13	2k	77	G-TCA---ACTG-AG-----A-AAC-A---C-T	
FR18	2l	79	G-TCA---AC-G-----A-CGA-AT---T-	
T1	3a		G---AT-C---G-T-----TAGA-AGC---	
T9	3b		---TGC-C---G-----AGA-AGCT---C---	
PAK64	3g	81	G-TTGC-KC-TG-T-----G-ATAG-GCAGG	

6 8 / 7 4

T06050" SETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c		G---AT--C--AG-----AAACGACC--CG----	
GB116	4c		-----AT--C--AG-----AAACGAGC--CG----	
GB215	4c		G-----AT--C--AG-----AAACGAGC--CG--T-	
GB358	4c		G-----AT--C--TG-----AAACGAGC--CG----	
GB809	4e		G-----GT--C--TG-----AAACGANC--CG--T	
GB549	4g		G-----GC--C--AG-----T--AAGAGC--CC----	
BNL8	4k	83	G-----AT--C--AG-----TAACCGAGC--CCN----	
BNL12	4l	85	G-----A--C--AG-----TT-CCAACC--CC----	
EG81	4m	87	G-----AT--C--GG-C-----CGCCGAGC--CCA--T	
CHR18	5a		G---CA--ACG--C-----TAA-----	
VN13	7a	89	G---TTT-----TC-----A-TAGTGCA--C--T	
VN4	7c	91	G---T-GA--A--TCT-----T-TT-ACGC--C--A	
VN12	7d	93	G-----GA--A--CT-----T--C-G-GC--C--T	
FR1	9a	95	G---T--A--A--A-C-----TATC--T-A--C----	
NE98	10a	97	G---T--A--A--G-T-----AA-AGCGC-T-----T	
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA--AC--T-	
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA--AC	
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA--AC--NT-	

69/74

Figure 6. NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a		STVTESDIRTEEA	IYQCCLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLTNSRG
HCV-J	1b		-----N-----	-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----
2TY4	1c		-----N-----	-----H-D-A-N-----K-----
BNL1	1d	54	-----V-----	-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N-----	-----X-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----N-----	-----V-----S-----A-E-K-----I-----K-Q-----
CAM1078	1e	62	-----A-----	-----S-----H-E-----I-----K-Q-----
FR2	1f	64	-----S-----	-----S-----E-K-R-----I-----K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----	-----A-E-----I-----K-Q-----
HC-J6	2a		-----R-----	-----S-RA-S-PEE-HT-H-----MF-K-QT-----
HC-J8	2b		-----R-----	-----S-A-S-PQE-TV-H-----M-K-QS-----
ARG8	2c		-----S-----	-----S-S-PEE-T-H-----M-K-QS-----
NE92	2d		-----R-----	-----S-LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----
BNL3	2e	70	-----R-X-----	-----S-A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR4	2f	72	-----R-----	-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL5	2h	74	-----A-R-----	-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR13	2k	78	-----R-----	-----V-SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----
FR18	2l	80	-----R-----	-----N-S-FLA-S-PEE-TV-H-----I-MM-K-QS-----
BR34	3a		-----C-----	-----C-----MF-K-AQ-----
BR36	3a		-----C-----	-----C-----MF-K-AQ-----
BR33	3a		-----C-----	-----C-----MF-K-AQ-----
T9	3b		-----H-----	-----E-E-K-SA-----I-MY-K-LQ-----
PAK64	3g	82	-----Q-----	-----V-E-E-E-R-----MF-K-LK-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

T06050" SET 5360

7 0 / 7 4

T06050" SET 5860

GB48	4c	----	K	----	V	----	EV	----	E	----	E	----	K	----	TA	----	MH	----	K	----	DL	----
GB116	4c	----	K	----	V	----	EV	----	E	----	E	----	R	----	TA	----	MH	----	----	----	DL	----
GB215	4c	----	K	----	V	----	EV	----	E	----	E	----	KV	----	TA	----	MH	----	K	----	DL	----
GB358	4c	----	K	----	V	----	EV	----	E	----	E	----	K	----	TA	----	MH	----	K	----	DL	----
GB809	4e	----	R	----	KV	----	EV	----	E	----	E	----	KV	----	AA	----	MH	----	K	----	DL	----
CAMG22	4f	----	R	----	V	----	EV	----	E	----	ET	----	KV	----	SA	----	MH	----	K	----	DL	----
GB549	4g	----	R	----	----	----	E	----	E	----	E	----	KV	----	SA	----	MY	----	K	----	DL	----
GB438	4h	----	R	----	V	----	E	----	E	----	E	----	KV	----	SA	----	MY	----	K	----	DL	----
CAR4/12054i	4i	----	P	----	R	----	X	----	V	----	EXDX	----	KV	----	NA	----	MH	----	K	----	DL	----
CAR1/501	4j	----	X	----	R	----	GEV	----	E	----	E	----	KV	----	TA	----	MF	----	K	----	DL	----
EG13	4?	----	----	----	V	----	----	----	N	----	E	----	E	----	K	----	TA	----	----	----	DL	----
BNL8	4k	----	----	----	K	----	P	----	EV	----	E	----	E	----	KV	----	TA	----	----	----	DL	----
BNL12	4l	----	----	----	K	----	V	----	E	----	X	----	E	----	K	----	SA	----	X	----	L	----
EG81	4m	----	----	----	R	----	V	----	EV	----	E	----	E	----	K	----	SA	----	----	----	MY	----
BE95	5a	----	----	----	H	----	M	----	S	----	Q	----	E	----	A	----	R	----	Q	----	C	----
CHR18	5a	----	----	----	H	----	M	----	S	----	SLY	----	Q	----	E	----	R	----	Q	----	C	----
VN13	7a	----	----	----	R	----	VQ	----	HD	----	K	----	E	----	A	----	T	----	D	----	X	----
VN4	7c	----	----	----	R	----	X	----	HD	----	Q	----	V	----	K	----	T	----	----	----	CX	----
VN12	7d	----	----	----	S	----	----	----	HD	----	Q	----	V	----	K	----	T	----	----	----	MM	----
FR1	9a	----	----	----	GR	----	----	----	XD	----	LS	----	Q	----	E	----	K	----	----	----	MY	----
NE98	10a	----	----	----	Q	----	V	----	LS	----	F	----	A	----	KDE	----	RV	----	T	----	MY	----
FR14	11a	----	----	----	R	----	----	----	S	----	LS	----	Q	----	PEE	----	K	----	----	----	MF	----
FR15	11a	----	----	----	R	----	----	----	S	----	XXA	----	Q	----	PEE	----	K	----	----	----	ME	----
FR19	11a	----	----	----	R	----	----	----	SX	----	LA	----	Q	----	PEE	----	K	----	----	----	ME	----

84

86

88

90

92

94

96

98

100

102

106

71/74

T06050" REF 5860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	2695	YRRCRASGVLTTSCGNTLTCTYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDLVICE
HCV-J	1b	2744	-----L--T-----K-----N-----
2TY4	1c		-----L-----R-----
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----
BNL2	1d	56	-----L-----K-----
FR11	1d	58	-----L-----K-----
CAM1078	1e	62	-----L-----K-----
FR2	1f	64	-----K-----S-----
FR16	1g	68	-----L--A-----K-RE-----
HC-J6	2a		-----M--I--V--L--K--IIAP-----S-
HC-J8	2b		-----F--M--M-----L--K--IV-PV-----S-
ARG8	2c		-----A--M-----V-----N--IVAP-----
NE92	2d		-----F--M--I--V--Q--K--IIAP-----S-
BNL3	2e	70	-----H-----M--I-----L--K--IVAP-----S-
FR4	2f	72	-----M-----M--I--V--L--K--IVAP-----S-
BNL5	2h	74	-----M-----M--I--V--L--K--IVAP-----I-S-
FR13	2k	78	-----M-----M--I--V--L--Q--IVAP-----S-
FR18	2l	80	-----F--M--I--V--M-----IDAP-----S-
BR34	3a		-----P--F--I-----T--A-----RNPDE-----VA-
BR36	3a		-----P--F--I-----T--AK-----RSPDE-----VA-
BR33	3a		-----P--F--I-----T--AK-----RNPDE-----VA-
T9	3b		-----P--F--I-----K--S-----K-PSF-----VS-
PAK64	3g	82	-----P--Y--I-----A-----PSF-----VA-

7 2 / 7 4

T06050" REF5860

GB48	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	IK	---	R	---	---	A
GB116	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	---	A
GB215	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	S	---	Y	---
GB358	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	---	A
GB809	4e	---	Y	---	F	---	M	---	L	---	S	---	I	---	---	A
CAMG22	4f	---	Y	---	F	---	FL	---	T	---	TK	---	K	---	---	A
GB549	4g	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	V	---	T	---	KG	S
GB438	4h	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	T	---	T	---	---	---
CAR4/12054i	---	---	Y	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	---	A
CAR1/501 4j	---	---	F	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	---	A
EG13	4?	---	F	---	F	---	L	---	T	---	I	---	R	---	---	S
BNL8	4k	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	---	---
BNL12	4l	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	T	---	T	---	---	A
EG81	4m	---	Y	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	---	A
BE95	5a	---	F	---	M	---	M	---	L	---	S	---	R	---	I	---
CHR18	5a	---	F	---	M	---	M	---	L	---	S	---	K	---	L	---
VN13	7a	---	---	---	IL	A	---	L	---	Q	---	---	K	---	FD	---
VN4	7c	---	---	---	L	---	L	---	Q	---	---	---	K	---	KNYD	---
VN12	7d	---	F	---	L	---	M	---	L	---	Q	---	---	---	XK	KNFD
FR1	9a	---	P	---	M	---	I	---	FL	---	T	---	---	---	FT	YD
NE98	10a	---	P	---	F	---	I	---	---	---	---	---	---	---	---	---
FR14	11a	---	F	---	L	---	M	---	---	---	---	---	---	---	---	---
FR15	11a	---	F	---	L	---	M	---	---	---	---	---	---	---	---	---
FR19	11a	---	F	---	L	---	M	---	---	---	---	---	---	---	---	---

73/74

T06050"8ET5860

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a		SAGVQEDAAALRA	
HCV-J	1b		---T-----A---	
BE90	1b		---T-----V	
BNL1	1d	54	---E-----N---	
BNL2	1d	56	---E-----N-V	
FR17	1d	58	-X-E-----N-V	
CAM1078	1e	62	-V-T-----	
FR2	1f	64	IE-XX--PS	
FR16	1g	68	-----	
HC-J6	2a		-Q-TE--ERN---	
HC-J8	2b		-Q-NE--ERN---	
NE92	2d		-Q-TE--ERN---	
BNL3	2e	70	-Q-E--DRN-	
FR4	2f	72	-Q-AE--ERN--V	
BNL5	2h	74	-Q-TE--ERN--V	
FR13	2k	78	-Q-TER-ENN--P	
FR18	2l	80	-Q-TE--ERN--V	
BR34	3a		-	
BR36	3a		-	
BR33	3a		-	
T9	3b		-C-E--R-A---	
PAK64	3g	82	-CX-D-EDRAALR	

74 / 74

T06050" SEFFS860

GB48	4C	-D--E--KRP-G-	
GB116	4C	-D--E--KRA-G-	
GB215	4C	-D--E--KRA-GV	
GB358	4C	-D--E--KRA-G-	
GB809	4e	-G--E--KRX-G-	
CAMG22	4f	-D--E--RRA-G-	
GB549	4g	-G--E--RA---	
GB438	4h	-G--E--RA---	
CAR4/12054i		-I-ID--KQA--T	
CAR1/501 4j		-----E--PXTX-P	
BNL8	4k	-D--E--NRA-X-	84
BNL12	4l	-E--E--SQP---	86
EG81	4m	-D--D--RRA-Q-	88
BE95	5a	-Q-TH--E-----	
CHR18	5a	-Q-TH--K-----	
VN13	7a	-L--S--TSA---	90
VN4	7c	-G--S--VDA---	92
VN12	7d	-G--P--GA--V	94
FR1	9a	-----N--I-N---	96
NE98	10a	-----ID--KSA---	98
FR14	11a	-K--E--QRD--V	100
FR15	11a	-K--E--QRD-	102
FR19	11a	-K--E--QRD--	106